

วิธีการเชิงพันธุกรรมสำหรับการวิเคราะห์ปัญหาตำแหน่งที่ตั้ง เพื่อการจัดการซากคอมพิวเตอร์ในอนาคัด

อภิชาล กำเนิดว่า¹ วณิดา รัตนมณี^{2*} รัชชชญา สินธวาลัย³ และ วรณรัช สันตือมรทัต⁴

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ของงานวิจัยนี้เพื่อนำเสนอวิธีการหาตำแหน่งที่ตั้งของศูนย์รวบรวมและโรงงานรีไซเคิลสำหรับการจัดการซากคอมพิวเตอร์ โดยที่ตำแหน่งดังกล่าวเป็นองค์ประกอบของระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับซึ่งประกอบไปด้วย 1) จุดรวบรวม 2) ศูนย์รวบรวม 3) โรงงานรีไซเคิล และ 4) ตลาดวัสดุรีไซเคิล โดยได้นำวิธีการเชิงพันธุกรรมมาใช้ในการหาคำตอบที่เหมาะสมของตำแหน่งที่ตั้ง ที่ก่อให้เกิดต้นทุนรวมที่พิจารณาต่ำสุดซึ่งประกอบด้วย 1) ต้นทุนของศูนย์รวบรวม 2) ต้นทุนของโรงงานรีไซเคิล และ 3) ต้นทุนค่าขนส่ง โดยข้อมูลตัวอย่างที่

ผู้วิจัยกำหนดขึ้นถูกนำไปใช้ในการวิเคราะห์ผลเชิงตัวเลขผลลัพธ์จากวิธีการเชิงพันธุกรรมให้คำตอบที่เหมาะสมว่าตำแหน่งที่ตั้งของศูนย์รวบรวมมี 2 แห่งคือ แหล่งที่ j เท่ากับ 3 และ 7 ส่วนโรงงานรีไซเคิลมี 1 แห่งคือ แหล่งที่ k เท่ากับ 2 และมีต้นทุนรวมเท่ากับ 6,470,950 บาทต่อปีซึ่งในอนาคตสามารถนำแนวทางที่วิเคราะห์ได้นี้ไปประยุกต์ใช้เพื่อการแก้ไขปัญหาจริงของการจัดการซากคอมพิวเตอร์ต่อไป

คำสำคัญ: วิธีการเชิงพันธุกรรม ปัญหาตำแหน่งที่ตั้งซากคอมพิวเตอร์

¹ อาจารย์ ภาควิชาเทคโนโลยีอุตสาหกรรม คณะอุตสาหกรรมเกษตร มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

² รองศาสตราจารย์ ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหกรรม คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

³ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ภาควิชาวิศวกรรมอุตสาหกรรม คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

⁴ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

* ผู้นิพนธ์ประสาน โทรศัพท์ 0-7428-7160 อีเมล: wanida.r@psu.ac.th



Genetic Algorithms Approach for Analyzing the Location Problem in the Future Management of Computer Scraps

Apichon Kamnerdwam¹ Wanida Rattanamanee^{2*} Runchana Sinthavalai³ and Wannarat Suntiamorntut⁴

Abstract

The objective of this research was to present a location analysis method of collection center and recycling plant for managing computer scraps. These locations were a part of reverse logistics system consisting of: 1) collecting point 2) collection center 3) recycling plant and 4) recycled material market. Genetic algorithm was employed to determine the optimum location by minimizing the total costs including 1) cost of collection center 2) cost of recycling plant and 3) cost of transportation. The

example data determined by researchers, were used to analyze by the numerical method. The output from genetic algorithms revealed that the optimum point needs 2 collection centers; node $j = 3$ and 7, and 1 recycling plant; node $k = 2$. The total cost was 6,470,950 baht per year. In the future, this research could be applied for solving the real case of the computer scraps problem.

Keywords: Genetic Algorithms, Location Problem, Computer Scraps

¹ Lecturer, Department of Industrial Management Technology, Faculty of Agro-Industry, Prince of Songkla University.

² Associate Professor, Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering, Prince of Songkla University.

³ Assistant Professor, Department of Industrial Engineering, Faculty of Engineering, Prince of Songkla University.

⁴ Assistant Professor, Department of Computer Engineering, Faculty of Engineering, Prince of Songkla University.

* Corresponding Author, Tel. 0-7428-7160, E-mail: wanida.r@psu.ac.th

1. บทนำ

การจัดการที่ไม่เหมาะสมของซากผลิตภัณฑ์เครื่องใช้ไฟฟ้าและอิเล็กทรอนิกส์ (Waste Electrical and Electric Equipment: WEEE หรือ E-waste) กำลังเป็นปัญหาไปทั่วโลกเนื่องจากผลิตภัณฑ์ดังกล่าวมีปริมาณการใช้งานที่สูงมากและกลายเป็นส่วนหนึ่งในชีวิตประจำวันของคนในสังคมเนื่องจากการพัฒนาทางด้านเทคโนโลยีที่รวดเร็ว [1] และในอนาคตยังมีแนวโน้มว่าผลิตภัณฑ์เหล่านี้จะมีอายุการใช้งานสั้นลงอีกด้วย โดยพบว่ามีปริมาณ E-waste เกิดขึ้นในโลกประมาณ 20-25 ล้านตันต่อปี [2] สำหรับประเทศไทยในปี พ.ศ. 2546 ก็มี E-waste เกิดขึ้นประมาณ 58,000 ตัน ซึ่งส่วนหนึ่งสามารถนำกลับมาใช้ใหม่ (Reuse) ได้ และส่วนที่เหลือสามารถนำมารีไซเคิล (Recycle) ได้สูงถึงร้อยละ 80 ของปริมาณทั้งหมด [3] จากข้อมูลซาก E-waste ที่เกิดขึ้นนั้น คอมพิวเตอร์ก็เป็นส่วนหนึ่งของ E-waste ที่มีปริมาณเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็ว โดยข้อมูลจากงานวิจัยคาดการณ์ว่าปริมาณซากคอมพิวเตอร์ของประเทศไทยในปี พ.ศ. 2558 จะเกิดขึ้นประมาณ 14,798,809 เครื่อง [4]

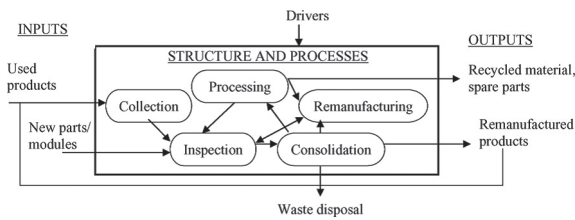
ในปัจจุบันประเทศไทยยังขาดกระบวนการเชิงระบบในการเก็บรวบรวม การคัดแยก การรีไซเคิล และการกำจัดซากคอมพิวเตอร์โดยประเทศไทยมีโรงงานรีไซเคิลซาก E-waste เพียงบางแห่งเท่านั้นที่จดทะเบียนถูกต้องตามกฎหมาย และส่วนใหญ่จะรีไซเคิลหลายผลิตภัณฑ์รวมกัน ทำให้วัสดุมีค่าบางชนิดไม่ได้ถูกนำกลับมาใช้ประโยชน์อย่างสมบูรณ์ ซึ่งหากนำเทคโนโลยีการจัดการซากคอมพิวเตอร์ที่ถูกต้องเหมาะสมมาใช้จะสามารถรีไซเคิลวัสดุต่างๆ เช่น พลาสติก เหล็ก อลูมิเนียม ทองแดง ตะกั่ว ดีบุก เงิน และทอง ออกมาได้ [5] นอกจากนี้ประเทศไทยยังไม่มีโรงงานที่รีไซเคิลเฉพาะซากคอมพิวเตอร์เพียงอย่างเดียว และระดับเทคโนโลยีที่มีก็ยังมีจำกัด โดยหากพิจารณาปัญหาในระยะยาว ถ้าประเทศไทยยังไม่มีระบบเรียกคืนวัสดุสิ้นค้ารวบรวมและนำส่งไปรีไซเคิลยังโรงงานรีไซเคิล ก็จะก่อให้เกิดปัญหาทางด้านการจัดการที่ไม่เหมาะสมและการขาดประสิทธิภาพในการรีไซเคิลและการบำบัด

นอกจากการสร้างแผนและระบบการจัดการกับซากคอมพิวเตอร์แล้ว พบว่าประเด็นของการวิเคราะห์ด้านที่ตั้งขององค์ประกอบที่จะนำมาใช้ในการแก้ปัญหาาก็เป็นสิ่งที่สำคัญ โดยสามารถประยุกต์ใช้ระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับ (Reverse Logistics) มาเป็นกรอบในการวิเคราะห์และแก้ปัญหาอย่างเป็นระบบ นอกจากนี้ปัญหาทางด้านระบบโลจิสติกส์ยังสามารถนำเอาเทคนิควิธีการเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithms: GA) ซึ่งเป็นเทคนิคสำหรับค้นหาผลเฉลย (Solutions) หรือคำตอบของปัญหาที่สามารถนำมาวิเคราะห์ปัญหาด้านตำแหน่งที่ตั้ง [6]-[9] และปัญหาเกี่ยวกับระบบโครงข่ายด้านโลจิสติกส์และโซ่อุปทานอื่นๆ ได้ [10]-[12] เนื่องจากการใช้โปรแกรม LINGO ซึ่งเป็นโปรแกรมเชิงเส้นจะเกิดข้อจำกัดและไม่สามารถค้นหาคำตอบกับปัญหาที่มีขนาดใหญ่ และต้องใช้เวลาในการประมวลผลที่นานมาก วิธีการ GA จึงสามารถนำมาใช้แก้ปัญหาดังกล่าวได้ สำหรับตัวอย่างปัญหาที่ใช้วิธี GA มาแก้ไข ดังเช่น การนำเสนอตัวแบบในการวิเคราะห์หาที่ตั้งของศูนย์รวบรวม [7] การวิเคราะห์หาคำตอบว่าผลิตภัณฑ์ควรส่งไปผลิตที่โรงงานใดและควรเปิดศูนย์รวบรวมที่ใด [8] ตลอดจนการตัดสินใจในระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับโดยหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุดของสิ่งอำนวยความสะดวก (Facility) [6] เหล่านี้เป็นต้น ด้วยการพิจารณาด้านทุนที่ต่ำสุด ซึ่งวิธี GA นี้มีจุดเด่นในการค้นหาคำตอบจากชุดข้อมูลจำนวนมาก ที่เป็นปัญหาขนาดใหญ่และมีความซับซ้อน โดยแนวคิดนี้สามารถนำมาประยุกต์ใช้กับปัญหาการจัดการซากคอมพิวเตอร์ในอนาคตที่จะพิจารณาข้อมูลในมุมมองระดับประเทศ บทความนี้ผู้วิจัยจึงได้นำวิธี GA มาประยุกต์ใช้ในการวิเคราะห์ตัวแบบโดยพัฒนาโปรแกรมคำนวณคำตอบ ซึ่งสามารถนำผลที่วิเคราะห์ได้จากวิธี GA นี้ ไปเป็นแนวทางในการประยุกต์ใช้จริงกับปัญหาการจัดการซากคอมพิวเตอร์ในอนาคตต่อไป

2. ทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัย

2.1 ระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับ

ระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับ คือกระบวนการหนึ่งของ



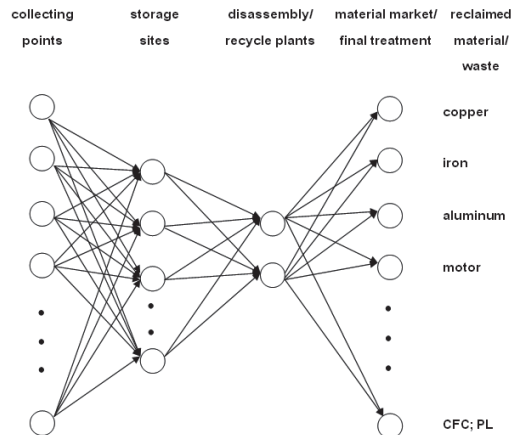
รูปที่ 1 ตัวอย่างระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับ [14]

การจัดการด้านโลจิสติกส์ที่ประกอบด้วย การวางแผน การจัดการ และการควบคุมการไหลของของเสียต่างๆ เพื่อนำมาสู่กระบวนการใช้ซ้ำ การรีไซเคิล หรือการกำจัดขั้นสุดท้าย [13] ระบบนี้เป็นการเคลื่อนย้ายของเสีย หรือผลิตภัณฑ์ในทางตรงกันข้ามกับระบบโลจิสติกส์ไปหน้า (Forward Logistics) ระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับนั้น จะมีความหลากหลายของกระบวนการ เมื่อพิจารณาในลักษณะของ Input และ Output ของระบบสามารถแสดงได้ดังรูปที่ 1 ซึ่งเป็นการไหลของ E-waste ผ่านกระบวนการต่างๆ และสุดท้ายวัสดุรีไซเคิลที่ได้จะนำกลับสู่ต้นทางของระบบเพื่อใช้ประโยชน์อีกครั้ง [14]

นอกจากนี้หากพิจารณาระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับในรูปของระบบโครงข่ายนั้น สามารถแสดงได้ดังรูปที่ 2 ซึ่งเป็นโครงข่ายเพื่อนำไปใช้ในการวิเคราะห์ห้องประกอบของระบบ ตำแหน่งที่ตั้ง ปริมาณการไหลของวัสดุ เพื่อการจัดการซาก E-waste ที่เกิดขึ้น ซึ่งระบบนี้สามารถนำมาประยุกต์ใช้เพื่อการแก้ไขปัญหาซากคอมพิวเตอร์ที่มีการจัดการที่ไม่เหมาะสมในปัจจุบัน ด้วยการกำหนดจุดหรือองค์ประกอบของระบบ มาดำเนินการจัดการและรวบรวมซากคอมพิวเตอร์เข้าสู่โรงงานต้นแบบเพื่อทำการรีไซเคิลและนำวัสดุรีไซเคิลที่ได้กลับมาใช้ประโยชน์อีกครั้งหนึ่ง

2.2 วิธีการเชิงพันธุกรรม

วิธีการเชิงพันธุกรรม หรือวิธี GA เป็นวิธีการเมตาฮีริสติก (Metaheuristic) ที่จำลองการสืบพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตมาไว้ในกลไกของวิธีการ เพื่อให้มีการคัดเลือกคำตอบที่ดีหรือไม่ดี ในการค้นหาคำตอบของปัญหา [16] ซึ่งทฤษฎีนี้ John Holland ได้ทำการคิดค้นวิธีการ



รูปที่ 2 ระบบโครงข่ายโลจิสติกส์ย้อนกลับสำหรับซาก E-waste ตัวอย่างประเทศไต้หวัน [15]

ลอกเลียนแบบขั้นตอนทางธรรมชาติของการพัฒนาสิ่งมีชีวิตขึ้นในปี ค.ศ. 1970 มิ่งค์ประกอบด้วยนี้

2.2.1 รูปแบบโครโมโซมและประชากรเริ่มต้น

การออกแบบโครโมโซมแทนคำตอบ (Chromosome Encoding) เป็นการออกแบบโครโมโซมให้สอดคล้องกับปัญหาจริงที่ต้องการพัฒนาวิธีการแก้ปัญหาด้วยวิธี GA [16] ซึ่งมีอยู่หลายรูปแบบ ได้แก่แบบ Binary แบบ Permutation แบบ Value และแบบ Tree เป็นต้น สำหรับการสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Population) เป็นการสร้างประชากรต้นแบบขึ้นมาเพื่อใช้เป็นจุดเริ่มต้นของการวิวัฒนาการ โดยประชากรกลุ่มแรกที่เกิดจากการสุ่มหรือการกระทำใดๆ เพื่อให้ได้ประชากรต้นแบบจำนวนหนึ่ง อาจใช้วิธีเดียวกันหรือต่างกันได้โดยจำนวนของประชากรต้นแบบที่สร้างขึ้นมานี้เป็นพารามิเตอร์ที่ต้องตั้งขึ้นมาก่อนจะเริ่มกระบวนการของวิธี GA ส่วนการถอดรหัสของโครโมโซม (Chromosome Decoding) นั้นเป็นการถอดรหัสคำตอบตัวแปรหรือพารามิเตอร์ต่างๆ ของแต่ละยีนในโครโมโซม กล่าวคือ หลังจากการสร้างประชากรเบื้องต้นขึ้นมาจะทราบเพียงรหัสของแต่ละโครโมโซม ดังนั้นจึงต้องทำการถอดรหัสในแต่ละโครโมโซมให้ได้คำตอบมาแล้วจึงนำค่าที่ได้ไปใช้งานต่อไป โดยรูปแบบการถอดรหัสจะขึ้นอยู่กับลักษณะของแต่ละปัญหา

2.2.2 การประเมินค่า

การประเมินค่า (Evaluation) จะอาศัยการกำหนดค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ซึ่งเป็นการหาฟังก์ชันที่ใช้ในการประเมินค่าของค่าความเหมาะสม เพื่อกำหนดค่าให้กับโครโมโซมคำตอบแต่ละโครโมโซมเปรียบเสมือนค่าความสามารถในการอยู่รอดและยังเป็นฟังก์ชันที่กำหนดโอกาสหรือสัดส่วนที่แต่ละโครโมโซมจะถูกคัดเลือกด้วย

2.2.3 ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม

ตัวดำเนินการทางพันธุกรรม (Genetic Operators) คือตัวดำเนินการต่างๆ เพื่อให้เกิดการถ่ายทอดจากประชากรรุ่นหนึ่งไปสู่อีกรุ่นหนึ่ง ได้แก่ คัดเลือกสายพันธุ์ (Selection) การสลับสายพันธุ์ (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) มีรายละเอียดดังต่อไปนี้

1. การคัดเลือกสายพันธุ์เป็นการคัดเลือกโครโมโซมต้นแบบ โดยคัดเลือกมาเป็นโครโมโซมพ่อและแม่ (Parents) ด้วยการพิจารณาจากค่าความเหมาะสม ถ้าโครโมโซมใดมีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสถูกคัดเลือกมากสำหรับตัวอย่างวิธีการคัดเลือก ได้แก่ แบบ Roulette Wheel แบบ Ranked-Based แบบ Tournament และแบบ Elitist เป็นต้น

2. การสลับสายพันธุ์เป็นขั้นตอนของการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อและแม่ หลังจากผ่านกระบวนการคัดเลือกมาแล้ว โดยพิจารณาตามอัตราความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุ์ (Probability of Crossover) เพื่อสร้างชุดโครโมโซมรุ่นลูก (Offspring) ซึ่งอัตราการสลับสายพันธุ์ เป็นพารามิเตอร์สำคัญสำหรับการหาคำตอบของวิธี GA เป็นอัตราส่วนของจำนวนโครโมโซมลูกที่ถูกสร้างขึ้นในแต่ละรุ่นต่อขนาดของประชากร สำหรับวิธีการสลับสายพันธุ์ ได้แก่ แบบ One-Point แบบ K-Point แบบ Modified One-Point แบบ Partial-Mapped แบบ Order แบบ Cycle และ แบบ Position-Base เป็นต้น

3. การกลายพันธุ์ เป็นขั้นตอนที่อาจช่วยให้โครโมโซมมีค่าความเหมาะสมดีขึ้นหลังจากผ่านการสลับสายพันธุ์มาแล้ว ด้วยการกลับค่าบางส่วนของโครโมโซมเป็นค่าใหม่ในตำแหน่งที่สุ่มได้ ตามอัตราความน่าจะเป็น

ในการกลายพันธุ์ (Probability of Mutation) ที่ได้กำหนดคำตอบจากการกลายพันธุ์นี้จะมีเพียงหนึ่งคำตอบที่มีลักษณะบางส่วนแตกต่างไปจากลักษณะต้นแบบ สำหรับวิธีการกลายพันธุ์นั้น ได้แก่ แบบ Bit-Flipped, แบบ Two-Point Swapping, แบบ Inversion และแบบ Insertion เป็นต้น

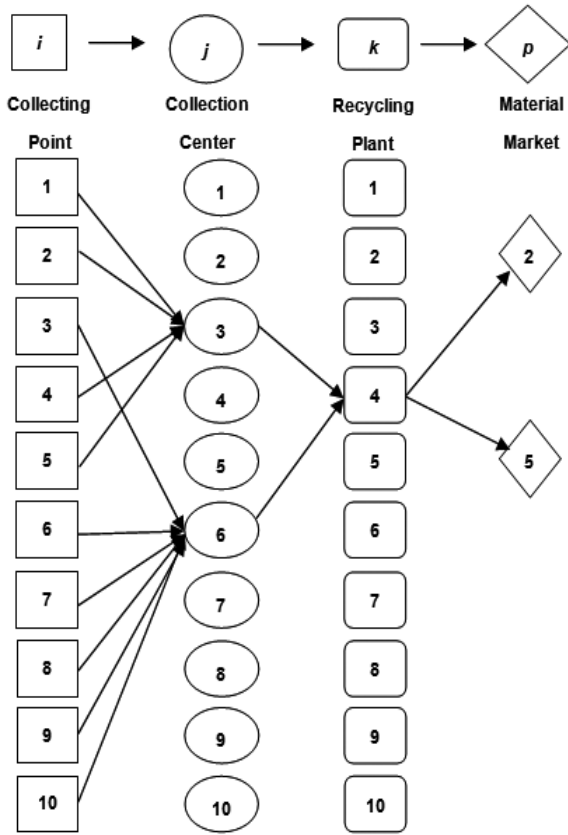
ปัจจุบันวิธี GA ถูกนำมาใช้สำหรับการแก้ปัญหาทางด้านโลจิสติกส์อย่างหลากหลาย เนื่องจากสามารถช่วยลดค่าใช้จ่ายในเรื่องขนาดของปัญหา ความซับซ้อนและระยะเวลาค้นหาคำตอบจากการใช้การโปรแกรมเชิงเส้น โดยหลายงานวิจัยได้ประยุกต์ใช้วิธี GA ในการวิเคราะห์หาตำแหน่งที่ตั้งหรือองค์ประกอบในระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับ

3. วิธีการวิเคราะห์หาตำแหน่งที่ตั้งด้วยวิธี GA

บทความนี้ได้นำเสนอแนวทางการประยุกต์ใช้วิธี GA เพื่อวิเคราะห์หาตำแหน่งที่ตั้งที่เหมาะสม ด้วยการพิจารณาดำเนินการที่ต่ำและเหมาะสม โดยอาศัยองค์ประกอบของระบบโครงข่ายเพื่อการจัดการซากคอมพิวเตอรืของ Li-Hisng Shih [15] ซึ่งประกอบด้วย 1) Collecting Points 2) Storage Sites 3) Disassembly/Recycle Plants และ 4) Material Market/ Final Treatment โดยกำหนดให้เป็น Node i, j, k และ p ตามลำดับ ซึ่งบทความนี้จะวิเคราะห์หาตำแหน่งที่ตั้งใน 2 ส่วนหลักคือ Storage Sites (Node j) และ Disassembly/Recycle Plants (Node k) โดยกำหนดชื่อใหม่เป็นศูนย์รวบรวม (Collection Center, Node j) และโรงงานรีไซเคิล (Recycling Plant, Node k) โดยทั้งสองส่วนที่เลือกวิเคราะห์นี้จะเป็นจุดที่ต้องก่อตั้งขึ้นใหม่เพื่อการดำเนินการจัดการซากคอมพิวเตอรืในอนาคตตามระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับ

3.1 ข้อมูลปัญหาตัวอย่าง

สำหรับข้อมูลตัวอย่างซึ่งเป็นข้อมูลสมมติขึ้นนั้น จะพิจารณาข้อมูลที่สอดคล้องกับปัญหาจริงเพียงแต่ลดขนาด



รูปที่ 3 ตัวอย่างโครงข่ายโลจิสติกส์ย้อนกลับ

ของข้อมูลให้เล็กน้อยเพื่อการทดสอบกลไกในการค้นหาคำตอบ ซึ่งจะกำหนดจุดรวบรวม (Collecting Point, Node i) ของซากคอมพิวเตอร์ทั้งสิ้น 10 แห่ง แต่ละแห่งจะมีซากคอมพิวเตอร์ (m) อยู่ 2 ชนิดหลักคือ ซากแบบตั้งโต๊ะ (Desktop) และซากแบบพกพา (Laptop) ดังตารางที่ 1 ในส่วนของตลาดวัสดุรีไซเคิล (Recycled Material Market, Node p) กำหนดให้มี 2 แห่งสำหรับรองรับวัสดุรีไซเคิล (n) ที่กำหนดให้มี 3 ชนิด คือ a, b และ c ซึ่งแต่ละแห่งมีความต้องการวัสดุดังตารางที่ 2 โดยที่สามารถนำเสนอรูปแบบของระบบโครงข่ายด้านโลจิสติกส์ย้อนกลับสำหรับปัญหาตัวอย่างดังรูปที่ 3 นอกจากนี้ข้อมูลต้นทุนที่จะนำมาพิจารณาในการวิเคราะห์ตำแหน่งที่ตั้งนั้นแสดงไว้ดังตารางที่ 3

ตารางที่ 1 ปริมาณซากคอมพิวเตอร์ในแต่ละแห่ง

แหล่งที่	ปริมาณซากคอมพิวเตอร์ (เครื่อง)		
	แบบตั้งโต๊ะ	แบบพกพา	รวม
1	700	400	1,100
2	1,000	600	1,600
3	1,500	700	2,200
4	900	500	1,400
5	1,200	600	1,800
6	1,600	400	2,000
7	1,000	700	1,700
8	800	500	1,300
9	1,300	800	2,100
10	1,000	300	1,300

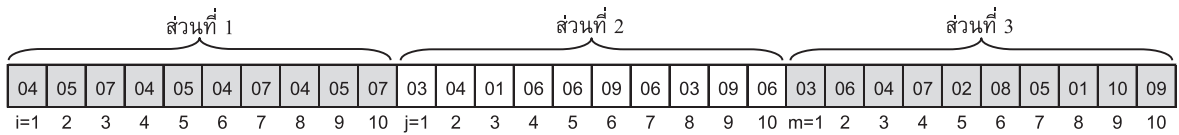
ตารางที่ 2 ข้อมูลตลาดวัสดุแต่ละแห่ง

แหล่งที่	ชนิดวัสดุ	ความต้องการ (กิโลกรัมต่อปี)
2	a	1,000
	b	2,000
	c	2,500
5	a	2,000
	b	2,500
	c	4,000

หมายเหตุ: กำหนดแหล่งที่ 2, 5 เป็นตลาดวัสดุรีไซเคิล

ตารางที่ 3 ข้อมูลต้นทุนในการวิเคราะห์ตำแหน่งที่ตั้ง

แหล่งที่	ค่าที่ดิน (บาท)		ค่าก่อสร้าง (บาท)	
	ศูนย์ขนาดเล็ก	ศูนย์ขนาดใหญ่	ศูนย์ขนาดเล็ก	ศูนย์ขนาดใหญ่
1	5,000	10,000	6,000	11,000
2	6,000	12,000	7,000	13,000
3	6,000	12,000	7,000	13,000
4	7,000	14,000	8,000	15,000
5	4,000	8,000	5,000	9,000
6	10,000	20,000	11,000	21,000
7	8,000	16,000	9,000	17,000
8	6,000	12,000	7,000	13,000
9	9,000	18,000	10,000	19,000
10	5,000	10,000	6,000	11,000
แหล่งที่	โรงงานขนาดเล็ก	โรงงานขนาดใหญ่	โรงงานขนาดเล็ก	โรงงานขนาดใหญ่
1	25,000	50,000	28,000	53,000
2	30,000	60,000	33,000	63,000
3	30,000	60,000	33,000	63,000
4	35,000	70,000	38,000	73,000
5	20,000	40,000	23,000	43,000
6	50,000	100,000	53,000	103,000
7	40,000	80,000	43,000	83,000
8	30,000	60,000	33,000	63,000
9	45,000	90,000	48,000	93,000
10	25,000	50,000	28,000	53,000



รูปที่ 4 โครโมโซมแทนคำตอบของปัญหา

สำหรับการพิจารณาต้นทุนจะใช้ค่าจัดตั้งศูนย์รวบรวมและโรงงานรีไซเคิลโดยคิดเฉพาะค่าที่ดินและค่าก่อสร้างซึ่งแยกพิจารณาเป็น 2 ขนาด คือ ขนาดเล็กและขนาดใหญ่ ในส่วนของค่าขนส่งสมมติให้ค่าขนส่งจากคอมพิวเตอร์แบบตั้งโต๊ะและแบบพกพามีค่าเท่ากับ 8 และ 6 บาทต่อเครื่องต่อกิโลเมตร ส่วนค่าขนส่งวัสดุรีไซเคิลเท่ากับ 5 บาทต่อกิโลกรัมต่อกิโลเมตร และใช้ข้อมูลระยะทางระหว่างแต่ละแห่งดังตารางที่ 4 ในการคำนวณ

ดังนั้นต้นทุนรวมของระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับที่พิจารณาในตัวอย่างนี้แสดงได้ดังสมการที่ 1

$$\text{ต้นทุนรวม} = \text{ต้นทุนของศูนย์รวบรวม} + \text{ต้นทุนของโรงงานรีไซเคิล} + \text{ต้นทุนค่าขนส่ง} \quad (1)$$

สมการที่ 1 จะนำไปใช้ในการคำนวณค่าความเหมาะสมของวิธี GA ในส่วนต่อไป ซึ่งวิธี GA จะใช้ในการค้นหาคำตอบของปัญหาที่ก่อให้เกิดต้นทุนรวมที่ต่ำและเหมาะสมภายใต้เงื่อนไขที่กำหนด

ตารางที่ 4 ระยะทางระหว่างแต่ละแห่ง (กิโลเมตร)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1		40	50	40	80	50	90	60	70	80
2	40		40	60	50	40	80	90	100	50
3	50	40		40	60	70	50	80	80	90
4	40	60	40		80	90	30	40	50	100
5	80	50	60	80		70	60	110	100	40
6	50	40	70	90	70		100	80	110	40
7	90	80	50	30	60	100		50	40	100
8	60	90	80	40	110	80	50		40	90
9	70	100	80	50	100	110	40	40		120
10	80	50	90	100	40	40	100	90	120	

3.2 ขั้นตอนทาง GA

ขั้นตอนการวิเคราะห์หาค่าตำแหน่งที่ตั้งที่เหมาะสมเพื่อการจัดการซากคอมพิวเตอร์ในอนาคตด้วยวิธี GA

ในงานวิจัยนี้มีรายละเอียดดังต่อไปนี้

3.2.1 รูปแบบโครโมโซมและประชากรเริ่มต้น

โครโมโซมแทนคำตอบของปัญหานั้นแสดงดังรูปที่ 4 ประกอบด้วย 3 ส่วนย่อย (Segment) คือ

1. ส่วนที่ 1 เป็นความสัมพันธ์ระหว่างจุดรวบรวม (i) กับศูนย์รวบรวม (j)
2. ส่วนที่ 2 เป็นความสัมพันธ์ระหว่างศูนย์รวบรวม (j) กับโรงงานรีไซเคิล (k)
3. ส่วนที่ 3 เป็นความสัมพันธ์ระหว่างโรงงานรีไซเคิล (k) กับตลาดวัสดุรีไซเคิล (p)

โดยแต่ละส่วนมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

1. ตำแหน่งของยีนและค่าของยีนในส่วนที่ 1 นั้น กำหนดให้ตำแหน่งยีนแทน Node ต้นทาง (i) ซึ่งมี 10 แห่ง ส่วนค่ายีนซึ่งเป็นตัวเลขสองหลักนั้น แทน Node ปลายทาง (j) ซึ่งมีแหล่งที่เป็นไปได้ในการถูกเลือก 10 แห่ง ยกตัวอย่างเช่น ยีนตำแหน่งที่ 1 มีค่ายีนเป็น 04 หมายถึง ซากคอมพิวเตอร์จากแหล่งที่ $i=1$ จะถูกส่งไปยังศูนย์รวบรวมที่ $j=4$

2. ตำแหน่งของยีนและค่าของยีนในส่วนที่ 2 นั้น กำหนดให้ตำแหน่งยีนแทน Node ต้นทาง (j) ซึ่งมีแหล่งที่เป็นไปได้ในการถูกเลือก 10 แห่ง ส่วนค่ายีนซึ่งเป็นตัวเลขนั้น แทน Node ปลายทาง (k) ซึ่งมีแหล่งที่เป็นไปได้ในการถูกเลือก 10 แห่งเช่นกัน ยกตัวอย่างเช่น ยีนตำแหน่งที่ 1 มีค่ายีนเป็น 03 หมายถึง หากศูนย์รวบรวมที่ 1 ($j=1$) ถูกเปิด ซากคอมพิวเตอร์จากศูนย์รวบรวมที่ 1 ($j=1$) จะถูกส่งไปยังโรงงานรีไซเคิลที่ 3 ($k=3$)

3. ตำแหน่งของยีนและค่าของยีนในส่วนที่ 3 นั้น การกำหนดในส่วนนี้จะต่างกับสองส่วนแรกกล่าวคือ จะกำหนดให้ตำแหน่งยีนแทนลำดับของการตอบสนองต่อตลาดวัสดุรีไซเคิล (เป็นลำดับของการพิจารณาส่งวัสดุ

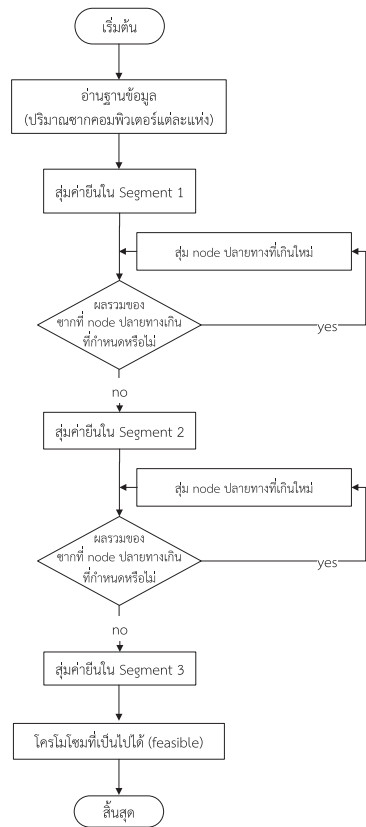
รีไซเคิลไปยังตลาดแต่ละแห่ง) ในส่วนนี้ก็จะมียานยนต์ขึ้นเท่ากับ 10 ยานยนต์ ส่วนค่าขึ้นซึ่งเป็นตัวเลขนั้น แทน Node ต้นทางที่ถูกสุ่มขึ้นมาจากตำแหน่งที่เป็นไปได้ว่าจะเปิดหรือไม่เปิดของโรงงานรีไซเคิลที่ k ยกตัวอย่างเช่น ยานยนต์ตำแหน่งที่ 1 มีค่าขึ้นเป็น 03 หมายความว่า โรงงานรีไซเคิลที่ 3 ($j=3$) จะได้รับการพิจารณาเพื่อตอบสนองต่อตลาดวัสดุรีไซเคิลเป็นลำดับแรก ($m=1$) หากโรงงานถูกเปิด

ในการสุ่มเพื่อสร้างโครโมโซมในแต่ละส่วนนั้น จะมีข้อจำกัดและเงื่อนไขในการสุ่มดังรูปที่ 5 อันเนื่องมาจากการกำหนดปริมาณสูงสุดในการรองรับซากคอมพิวเตอร์ทั้งหมดของศูนย์รวบรวมขนาดเล็กและขนาดใหญ่เท่ากับ 5,000 และ 10,000 เครื่อง ตามลำดับ และโรงงานรีไซเคิลขนาดเล็กและขนาดใหญ่เท่ากับ 10,000 และ 20,000 เครื่องตามลำดับ โดยโครโมโซมจะถูกนำไปผ่านการถอดรหัสเช่นเดียวกับรูปที่ 3 เพื่อแสดงตำแหน่งที่ตั้งของศูนย์รวบรวมและโรงงานรีไซเคิล นอกจากนี้การกำหนดจำนวนประชากรเริ่มต้นนั้น กำหนดให้มีค่าเท่ากับ 5 นั้นหมายถึงจะมีโครโมโซมตามลักษณะในรูปที่ 4 จำนวน 5 โครโมโซมมาใช้วิเคราะห์

3.2.2 การประเมินค่า

การคำนวณค่าความเหมาะสม ซึ่งพิจารณาการคำนวณต้นทุนรวมในสมการที่ 1 ประกอบด้วย ต้นทุนของศูนย์รวบรวม (TC1) ต้นทุนของโรงงานรีไซเคิล (TC2) และต้นทุนค่าขนส่ง (TC3) โดยวัตถุประสงค์เพื่อค้นหาคำตอบที่เกิดต้นทุนรวมที่ต่ำและเหมาะสมดังสมการที่ 2 ดังนั้นค่าความเหมาะสมจึงเท่ากับส่วนกลับของต้นทุนรวมดังสมการที่ 3 เนื่องจากค่าที่พิจารณาเป็นต้นทุน ดังนั้นต้นทุนที่มีค่ามากเมื่อทำเป็นส่วนกลับจะมีค่าน้อย (ความเหมาะสมน้อย) และต้นทุนที่มีค่าน้อยเมื่อทำเป็นส่วนกลับจะมีค่ามาก (ความเหมาะสมมาก) ซึ่งจะใช้ค่าที่คำนวณได้ในส่วนนี้วัดค่าความเหมาะสมของโครโมโซม

$$\text{Minimize Total Cost} = TC1 + TC2 + TC3 \quad (2)$$



รูปที่ 5 กระบวนการสร้างคำตอบของปัญหา

โดยที่

$$TC1 = \sum_{j=1}^s D_j (CC_j + LC_j)$$

$$TC2 = \sum_{k=1}^t P_k (CC_k + LC_k)$$

$$TC3 = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^s \sum_{m=1}^v X_{ijm} TD_{ij} TC_{ijm} + \sum_{j=1}^s \sum_{k=1}^t \sum_{m=1}^v X_{jkm} TD_{jk} TC_{jkm} + \sum_{k=1}^t \sum_{p=1}^u \sum_{n=1}^w X_{kpn} TD_{kp} TC_{kpn}$$

เมื่อ

i	คือจุดรวบรวมที่ i	$i = 1, \dots, r$
j	คือศูนย์รวบรวมที่ j	$j = 1, \dots, s$
k	คือโรงงานรีไซเคิลที่ k	$k = 1, \dots, t$
p	คือตลาดวัสดุรีไซเคิลที่ p	$p = 1, \dots, u$
m	คือชนิดซากคอมพิวเตอร์ที่ m	$m = 1, \dots, v$
n	คือชนิดวัสดุรีไซเคิลที่ n	$n = 1, \dots, w$

กำหนดให้

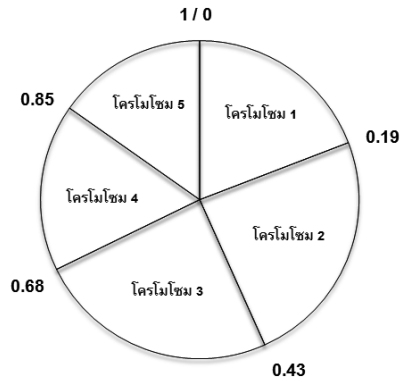
- CC_j คือค่าก่อสร้างของศูนย์รวมรวม j (บาท)
- LC_j คือค่าที่ดินของศูนย์รวมรวม j (บาท)
- CC_k คือค่าก่อสร้างของโรงงานรีไซเคิล k (บาท)
- LC_k คือค่าที่ดินของโรงงานรีไซเคิล k (บาท)
- X_{ijm} คือปริมาณซากคอมพิวเตอรืชนิด m ที่ขนส่งจาก i ไป j (เครื่อง)
- X_{jkm} คือปริมาณซากคอมพิวเตอรืชนิด m ที่ขนส่งจาก j ไป k (เครื่อง)
- X_{kpn} คือปริมาณวัสดุรีไซเคิลชนิด n ที่ขนส่งจาก k ไป p (กิโลกรัม)
- TD_{ij} คือระยะทางจาก i ไป j (กิโลเมตร)
- TD_{jk} คือระยะทางจาก j ไป k (กิโลเมตร)
- TD_{kp} คือระยะทางจาก k ไป p (กิโลเมตร)
- TC_{ijm} คือค่าขนส่งซากคอมพิวเตอรืชนิด m ที่ขนส่งจาก i ไป j (บาท/เครื่อง/กิโลเมตร)
- TC_{jkm} คือค่าขนส่งซากคอมพิวเตอรืชนิด m ที่ขนส่งจาก j ไป k (บาท/เครื่อง/กิโลเมตร)
- TC_{kpn} คือค่าขนส่งวัสดุรีไซเคิลชนิด n ที่ขนส่งจาก k ไป p (บาท/กิโลกรัม/กิโลเมตร)
- D_j คือตัวแปรตัดสินใจ มีค่าเท่ากับ 1 ถ้าเปิดศูนย์รวมรวม j และเท่ากับ 0 ถ้าไม่เปิด
- P_k คือตัวแปรตัดสินใจ มีค่าเท่ากับ 1 ถ้าเปิดโรงงานรีไซเคิล k และเท่ากับ 0 ถ้าไม่เปิด

$$\text{Fitness} = \frac{1}{TC1 + TC2 + TC3} \quad (3)$$

จากสมการที่ 3 สามารถใช้ในการวัดค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละโครโมโซม เพื่อใช้ค่าดังกล่าวในการค้นหาคำตอบที่มีความเหมาะสมจะเป็นคำตอบของปัญหา

3.2.3 การคัดเลือก

ทำการคัดเลือกโครโมโซมมาเป็นโครโมโซมพ่อแม่และแม่ด้วยการพิจารณาความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม ถ้าโครโมโซมใดมีต้นทุนรวมน้อยแสดงว่ามีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสถูกคัดเลือกไปเป็น



รูปที่ 6 วงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel)

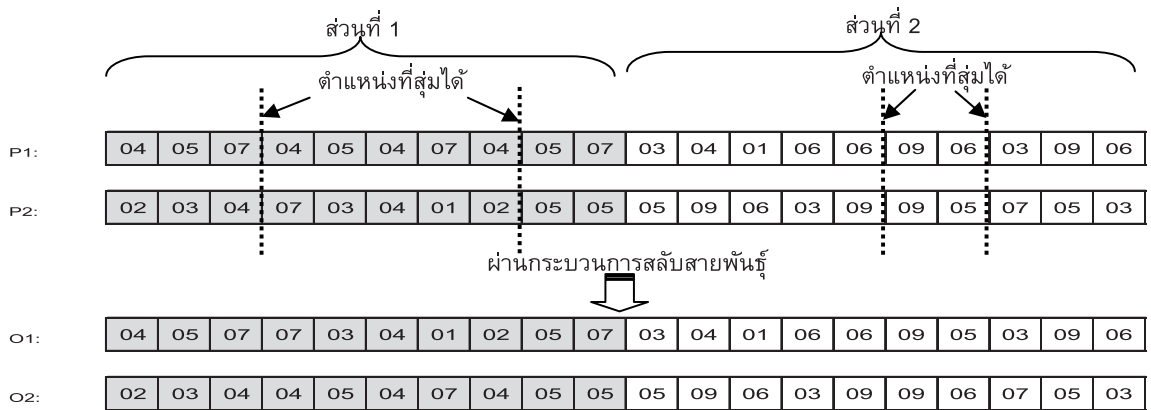
ต้นแบบได้มาก ในงานวิจัยนี้ได้กำหนดให้ใช้วิธีการคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection) ซึ่งนิยมใช้กับการแก้ปัญหาด้านโลจิสติกส์ด้วยวิธี GA [9], [10], [12] อีกทั้งยังเป็นกระบวนการที่ง่าย ไม่ซับซ้อน และได้โครโมโซมที่มีความหลากหลายในการนำไปปรับปรุงและพัฒนาคำตอบ โดยจะคำนวณหาความน่าจะเป็นในการถูกคัดเลือกดังตารางที่ 5

ตารางที่ 5 ความน่าจะเป็นในการถูกคัดเลือก

โครโมโซม	ต้นทุนรวม (บาท)	ต้นทุนรวมปรับค่า (บาท)	ค่าความเหมาะสม Fitness	ค่าความน่าจะเป็น	ค่าความน่าจะเป็นสะสม
1	75,580,500	7,558.05	0.000132	0.19	0.19
2	60,104,800	6,010.48	0.000166	0.24	0.43
3	59,089,000	5,908.90	0.000169	0.25	0.68
4	85,500,600	8,550.06	0.000117	0.17	0.85
5	95,000,000	9,500.00	0.000105	0.15	1
รวม	375,274,900	37,527	0.00069	1	

หมายเหตุ ต้นทุนรวมปรับค่าเป็นการลดทอนค่าเพื่อความเหมาะสมในการหาค่าความเหมาะสม

จากตารางที่ 5 จะเห็นได้ว่าค่าความน่าจะเป็นในการถูกคัดเลือกของโครโมโซม 1 มีค่าเท่ากับ 0.19 (0.000132/0.00069) มีค่าความเหมาะสมเท่ากับ 0.000132 คำนวณโดยอาศัยสมการที่ 3 (1/7,558.05) ซึ่งหลังจากได้ค่าความน่าจะเป็นในการถูกคัดเลือกแล้วจะนำมาสร้างวงล้อรูเล็ตดังรูปที่ 6 โดยอาศัยข้อมูลค่าความน่าจะเป็น

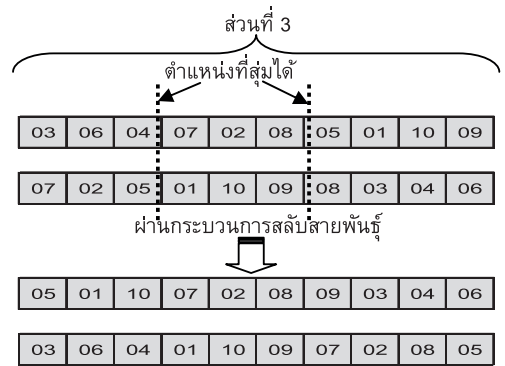


รูปที่ 7 การสลับสายพันธุของส่วนที่ 1 และ 2 ด้วยวิธี Two-Point Crossover

สะสมจากตารางที่ 5 คอลัมน์ที่ 6 หลังจากสร้างวงล้อแล้ว ก็จะทำการสุ่มเลข 0 ถึง 1 ถ้าเลขสุ่มตกอยู่ในช่วงใดของวงล้อก็จะเลือกโครโมโซมในช่วงนั้นไปทำการสลับสายพันธุ เช่น ทำการสุ่ม 5 ครั้ง ได้ค่าของเลขสุ่มเท่ากับ 0.76, 0.21, 0.35, 0.77 และ 0.17 จะได้ว่า โครโมโซมที่จะถูกเลือกไปสลับสายพันธุในขั้นต่อไปคือ โครโมโซม 4, 2, 2, 4 และ 1 ตามลำดับ (C4, C2, C2, C4 และ C1) โดยที่ เกิดการคัดเลือกโครโมโซม C4 และ C2 ซ้ำสองครั้ง

3.2.4 การสลับสายพันธุ

เป็นการแลกเปลี่ยนส่วนของโครโมโซมพ่อและแม่ หลังจากผ่านกระบวนการคัดเลือกมาแล้ว โดยจะพิจารณาตามอัตราความน่าจะเป็นในสลับสายพันธุ ที่ 0.8 ซึ่งเป็นค่าที่นิยมใช้ในการประยุกต์วิธี GA เพื่อการแก้ปัญหาทางด้านระบบโลจิสติกส์ [9]-[11] และเลือกวิธีการสำหรับการสลับสายพันธุที่มีความสอดคล้องกับลักษณะของโครโมโซม กล่าวคือแบบ Two-Point Crossover (สำหรับส่วนที่ 1 และ 2) และแบบ Order Crossover (สำหรับส่วนที่ 3) เนื่องจากส่วนที่ 3 นั้นจะพิจารณาในรูปแบบของลำดับการสลับสายพันธุนี้ก็เพื่อสร้างโครโมโซมรุ่นลูกชุดใหม่ขึ้นมา ซึ่งเริ่มต้นจากการกำหนดตัวเลขสุ่ม 0 ถึง 1 ให้กับโครโมโซมที่ผ่านการคัดเลือกมาแล้ว ได้แก่ โครโมโซม C4, C2, C2, C4 และ C1 สมมติมีค่าเท่ากับ 0.83, 0.43, 0.97, 0.53 และ 0.86 ตามลำดับ จากนั้นพิจารณาเลือก

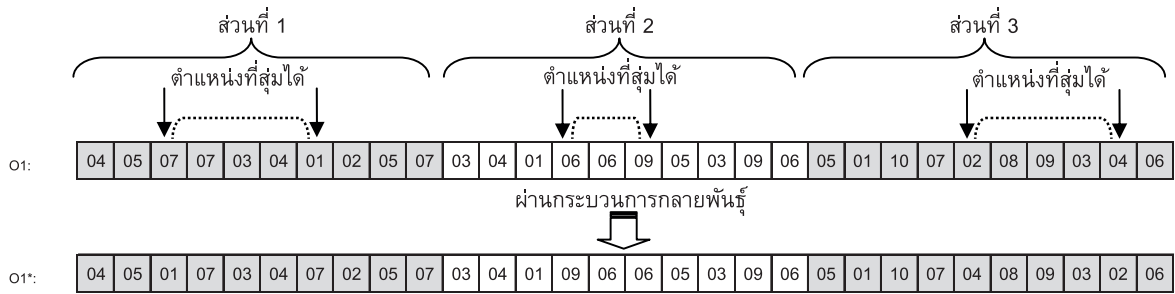


รูปที่ 8 การสลับสายพันธุของส่วนที่ 3 ด้วยวิธี Order Crossover

โครโมโซมที่มีค่าของเลขสุ่มน้อยกว่า 0.8 จะพบว่า ได้แก่ โครโมโซม C2 และ C4 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.43 และ 0.53 ตามลำดับ จะถูกเลือกไปสลับสายพันธุ โดยกำหนดให้โครโมโซมทั้งสองเป็นโครโมโซมพ่อและแม่ (P1 และ P2) เพื่อใช้ในการสลับสายพันธุให้ได้โครโมโซมรุ่นลูก (O1 และ O2) ออกมา

รูปแบบการสลับสายพันธุสามารถยกตัวอย่างได้ดังรูปที่ 7 และ 8 ซึ่งเป็นการสลับสายพันธุแบบ Two-Point Crossover (สำหรับส่วนที่ 1 และ 2) และแบบ Order Crossover (สำหรับส่วนที่ 3) โดยการสลับสายพันธุในส่วนที่ 1 และ 2 มีขั้นตอนดังนี้

1. สุ่มตำแหน่งยีนภายในโครโมโซม P1 และ P2 ของ



รูปที่ 9 การกลายพันธุ์ของโครโมโซมด้วยวิธี Two-Point Swapping Mutation

แต่ละส่วนมาสองตำแหน่งอย่างอิสระ โดยตำแหน่งยีนที่สุ่มได้ของส่วนที่ 1 คือ 3 และ 8 ส่วนที่ 2 คือ 5 และ 7

2. ทำการตัดลอกค่ายีนที่อยู่ระหว่างตำแหน่งที่ 3 และ 8 ของส่วนที่ 1 คือ ยีน 04, 05, 04, 07 และ 04 ของโครโมโซม P1 นำไปใส่เป็นค่ายีนที่อยู่ระหว่างตำแหน่งที่ 3 และ 8 ของโครโมโซม O2 ส่วนในส่วนที่ 2 ก็กระทำเช่นเดียวกัน

3. ทำการตัดลอกค่ายีนที่อยู่ระหว่างตำแหน่งที่ 3 และ 8 ของส่วนที่ 1 คือ ยีน 07, 03, 04, 01 และ 02 ของโครโมโซม P2 นำไปใส่เป็นค่ายีนที่อยู่ระหว่างตำแหน่งที่ 3 และ 8 ของโครโมโซม O1 ส่วนในส่วนที่ 2 ก็กระทำเช่นเดียวกัน

4. สำหรับค่าของยีนที่อยู่นอกช่วงของการสุ่มของโครโมโซม P1 ก็จะนำไปเป็นค่ายีนของโครโมโซม O1 และค่าของยีนที่อยู่นอกช่วงของการสุ่มของโครโมโซม P2 ก็จะนำไปเป็นค่ายีนของโครโมโซม O2 เช่นกัน โดยพิจารณาแยกในแต่ละส่วน

ส่วนการสลับสายพันธุ์ของส่วนที่ 3 ตามรูปที่ 8 นั้นอาศัยการสลับสายพันธุ์แบบ Order Crossover ด้วยการสุ่มตำแหน่งของโครโมโซม P1 และ P2 มาสองตำแหน่ง จากนั้นจึงตัดลอกค่ายีนในช่วงดังกล่าวของ P1 นั่นคือ 07, 02 และ 08 ไปเป็นค่ายีนในช่วงเดียวกันของ O1 แล้วจึงลบค่ายีนที่สุ่มได้ก่อนหน้านี้ (07, 02, 08) ออกจากโครโมโซม P2 แล้วนำยีนที่เหลือของ P2 ได้แก่ 05, 01, 10, 09, 03 และ 04 ไปใส่ในตำแหน่งว่างของโครโมโซม O1 จากซ้ายไปขวา (เพื่อไม่ให้ซ้ำกัน) และทำแบบเดียวกันนี้กับโครโมโซม O2 ด้วย ก็จะได้โครโมโซมใหม่ออกมา

3.2.5 การกลายพันธุ์

การกลายพันธุ์นั้นจะเป็นการกลับค่าบางส่วนของโครโมโซมเป็นค่าใหม่ในตำแหน่งที่สุ่มได้ โดยกำหนดอัตราความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ เท่ากับ 0.2 ซึ่งเป็นค่าที่นิยมใช้ในการประยุกต์วิธี GA เพื่อการแก้ปัญหาทางด้านระบบโลจิสติกส์ [9]-[11] และเลือกวิธีการกลายพันธุ์แบบ Two-Point Swapping Mutation ซึ่งมีความสอดคล้องกับลักษณะของโครโมโซม เริ่มต้นจากการกำหนดตัวเลขสุ่ม 0 ถึง 1 ให้กับโครโมโซมที่ผ่านการสลับสายพันธุ์มาแล้ว ได้แก่ โครโมโซม O1, O2 ที่ถูกนำมาแทนที่ C2 และ C4 ซึ่งสมมติให้มีค่าเท่ากับ 0.19 และ 0.43 ตามลำดับ พบว่าโครโมโซม O1 มีค่าเท่ากับ 0.19 (น้อยกว่า 0.2) ก็จะถูกเลือกมาทำการกลายพันธุ์ ดังรูปที่ 9

โครโมโซม O1 ถูกนำไปผ่านกระบวนการกลายพันธุ์ด้วยการสุ่มตำแหน่งยีนขึ้นมาส่วนละสองตำแหน่ง แล้วทำการสลับค่าของยีนที่สุ่มมาได้ระหว่างกันจะเห็นได้ว่า เมื่อสุ่มตำแหน่งยีนในแต่ละส่วน แล้วจึงสลับค่าของแต่ละตำแหน่งภายในส่วนเดียวกัน ก็จะได้โครโมโซมใหม่เป็น O1* ออกมา ซึ่งวิธี GA จะวนซ้ำหาคำตอบที่เกิดขึ้นต้นทุนต่ำสุดตามจำนวนรุ่นที่กำหนดต่อไป

4. ผลการทดลองและการอภิปรายผล

ผลลัพธ์จากวิธี GA ตามวิธีการและขั้นตอนในหัวข้อที่ 3 ที่ได้วิเคราะห์หาค่าตำแหน่งที่ตั้งที่เหมาะสม จากการสร้างโปรแกรมเพื่อประมวลผลและค้นหาคำตอบ ด้วย

โปรแกรม Microsoft Visual Studio 2010 (Visual c#) และใช้โปรแกรม Microsoft Access 2007 ในการสร้างฐานข้อมูล ซึ่งการประมวลผลดังกล่าวใช้เครื่องคอมพิวเตอร์ประมวลผลบนระบบปฏิบัติการวินโดวส์ ด้วยความเร็วหน่วยประมวลผล 2.3 GHz โดยทำการวิเคราะห์จากข้อมูลตัวอย่างทั้งสิ้น 10 แห่ง ซึ่งผลที่วิเคราะห์ได้จากการประมวลผลด้วยโปรแกรมผ่านกลไกของวิธี GA นั้นเมื่อนำมาทวนสอบความถูกต้อง พบว่าให้ผลลัพธ์ของคำตอบที่ถูกต้องตรงกันกับการคำนวณโดยผู้วิจัย

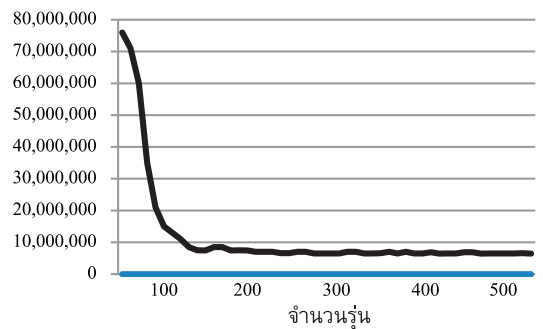
การวิเคราะห์ด้วยวิธี GA ของบทความนี้ กำหนดจำนวนประชากรเริ่มต้นเพื่อประมวลผลเท่ากับ 5 โครโมโซม กำหนดจำนวนรุ่น (Generation) ในการค้นหาคำตอบเท่ากับ 10, 50, 100, 500, 1,000 และ 5,000 รุ่นเพื่อใช้ในการยืนยันถึงคำตอบที่เหมาะสม กำหนดค่าความน่าจะเป็นในการสลับสายพันธุและการกลายพันธุเท่ากับ 0.8 และ 0.2 ตามลำดับ ซึ่งให้ผลลัพธ์ของคำตอบดังตารางที่ 6

ตารางที่ 6 ผลลัพธ์คำตอบในแต่ละจำนวนรุ่น

จำนวน Generation	ต้นทุนรวมที่ต่ำที่สุด (บาท)
10	75,897,550
50	21,490,605
100	7,580,525
500	6,470,950
1,000	6,470,950
5,000	6,470,950

จากตารางที่ 6 แสดงให้เห็นว่า จะต้องใช้จำนวนรุ่นในการประมวลผล 500 รุ่น เพื่อค้นหาคำตอบที่มีต้นทุนต่ำและเหมาะสมภายใต้เงื่อนไขที่กำหนด โดยสามารถแสดงกราฟผลลัพธ์ของการค้นหาคำตอบ ซึ่งเป็นความสัมพันธ์ระหว่างต้นทุนรวมกับจำนวนรุ่นการประมวลผลได้ดังรูปที่ 10 โดยพบว่าวิธี GA สามารถค้นหาคำตอบที่เหมาะสมของปัญหาได้ จากกราฟจะเห็นได้ว่า ค่าของต้นทุนรวมจะลดลงอย่างต่อเนื่องเมื่อจำนวนรุ่นในการค้นหาคำตอบเพิ่มมากขึ้น โดยจะเริ่มคงที่ในรุ่นหลังของ

ต้นทุนรวม (บาท)



รูปที่ 10 ผลลัพธ์ของการค้นหาคำตอบกรณีกำหนด 500 รุ่นของการค้นหาคำตอบ

การค้นหาคำตอบ จากการวิเคราะห์พบว่า การทดลองประมวลผลในช่วงของจำนวนรุ่นตั้งแต่ 500 รุ่นขึ้นไป จะสามารถค้นหาคำตอบของที่ตั้งที่เหมาะสมออกมาได้ ซึ่งมีต้นทุนเท่ากับ 6,470,950 บาทต่อปี โดยคำตอบดังกล่าวสามารถถอดรหัสโครโมโซมแทนคำตอบออกมาเป็นระบบโครงข่ายเช่นเดียวกับรูปที่ 3 ทำให้ทราบผลลัพธ์ของตำแหน่งที่ตั้งที่ค้นหา กล่าวคือตำแหน่งที่ตั้งที่เหมาะสมของศูนย์รวบรวมจะมีจำนวน 2 แห่งคือ ที่ Node j เท่ากับ 3 และ 7 โดยเปิดเป็นศูนย์รวบรวมขนาดใหญ่ และโรงงานรีไซเคิลจำนวน 1 แห่งคือ ที่ Node k เท่ากับ 2 โดยเปิดเป็นโรงงานขนาดใหญ่เช่นเดียวกัน ซึ่งองค์ประกอบสองส่วนที่วิเคราะห์ได้นี้ ก็จะนำไปใช้ในการขับเคลื่อนระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับเพื่อการแก้ไขปัญหาการจัดการซากคอมพิวเตอร์ต่อไป

5. สรุป

ทฤษฎีทางด้านระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับสามารถนำมาใช้เป็นแนวคิดในการแก้ไขปัญหาด้านซากคอมพิวเตอร์ที่เกิดขึ้นในยุคปัจจุบันได้ เพื่อเป็นแนวทางในการนำซากคอมพิวเตอร์กลับมารีไซเคิลและบำบัด ตลอดจนการนำวัสดุรีไซเคิลกลับมาใช้ประโยชน์อีกครั้งหนึ่ง โดยงานวิจัยนี้สนใจในการนำระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับมารับใช้และมุ่งประเด็นไปในส่วนของการพิจารณาตำแหน่งที่ตั้งของ

องค์ประกอบในระบบโลจิสติกส์ย้อนกลับ ที่ประกอบไปด้วย
1) จุดรวบรวม 2) ศูนย์รวบรวม 3) โรงงานรีไซเคิล และ
4) ตลาดวัสดุรีไซเคิล โดยทำการทดลองหาคำตอบกับ
ข้อมูลตัวอย่าง เพื่อค้นหาตำแหน่งที่ตั้งที่เหมาะสมของ
ศูนย์รวบรวม และโรงงานรีไซเคิลชากคอมพิวเตอร์
ซึ่งพบว่า วิธี GA สามารถประยุกต์ใช้ในการวิเคราะห์
หาตำแหน่งที่ตั้งที่เหมาะสมได้และสามารถนำไปประยุกต์ใช้
เพื่อหาตำแหน่งที่ตั้งในกรณีปัญหาจริงของประเทศไทย
หรือการพัฒนาเพื่อการต่อยอดงานวิจัยซึ่งมีข้อเสนอแนะ
คือบทความวิจัยฉบับนี้ยังไม่ได้ทำการศึกษาเปรียบเทียบ
เทคนิควิธี GA กับเทคนิคอื่นๆ ที่สามารถใช้วิเคราะห์
ปัญหานี้ได้เพื่อทำการเปรียบเทียบศักยภาพในการค้นหา
คำตอบ สำหรับงานวิจัยในอนาคตต่อไป

6. กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้วิจัยขอแสดงความขอบคุณสำหรับการ
สนับสนุนทุนวิจัยจากสำนักงานคณะกรรมการวิจัย
แห่งชาติ (วช.) และขอบคุณคณะวิศวกรรมศาสตร์และ
คณะอุตสาหกรรมเกษตร มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์
ที่มีส่วนสนับสนุนในการพัฒนาบทความวิจัยฉบับนี้

เอกสารอ้างอิง

- [1] H.Y. Kang and J. M. Schoenung, "Estimation of future outflows and infrastructure needed to recycle personal computer systems in California," *Journal of Hazardous Materials*, vol. 137, pp. 1165-1174, 2006.
- [2] B.H. Robinson. "E-waste: An assessment of global production and environmental impacts," *Science of the Total Environment*, vol.408, pp. 183-191, 2009.
- [3] Pollution Control Department, *E-waste Management Manual*, 2008, pp. 200 (in Thai).
- [4] K. Yindee, "Obsolete Personal Computers (PCs): The Feasibility End-of-Life Options for

Thailand," MSc thesis, Mahidol University, 2004 (in Thai).

- [5] A. Kamnerdwam, W. Rattanamanee, R. Sinthavalai, and W. Suntiarnortut, "A Study of the Quantity of Materials from Computer Scraps Recycling Process," *KKU Research Journal*, vol. 18, pp. 408-418, 2013 (in Thai).
- [6] H. Min, H. Jeung Ko, and C. Seong Ko, "A genetic algorithm approach to developing the multi-echelon reverse logistics network for product returns," *Omega*, vol.34, pp. 56-69, 2006.
- [7] R. Cruz-Rivera and J. Ertel, "Reverse logistics network design for the collection of End-of-Life Vehicles in Mexico," *European Journal of Operational Research*, vol. 196, pp. 930-939, 2009.
- [8] A. Costa, G. Celano, S. Fichera, and E. Trovato, "A new efficient encoding/decoding procedure for the design of a supply chain network with genetic algorithms," *Computers & Industrial Engineering*, vol. 59, pp. 986-999, 2010.
- [9] H. Topcuoglu, F. Corut, M. Ermis, and G. Yilmaz, "Solving the uncapacitated hub location problem using genetic algorithm," *Computers & Operations Research*, vol. 32, pp. 967-984, 2005.
- [10] M. Bielli, M. Caramia, and P. Carotenuto, "Genetic algorithms in bus network optimization," *Transportation Research Part C*, vol. 10, pp. 19-34, 2002.
- [11] H. J. Ko and G. W. Evans, "A genetic algorithm-based heuristic for the dynamic integrated forward/reverse logistics network for 3PLs," *Computers & Operations Research*, vol. 34, pp. 346-366, 2007.
- [12] Y. H. Chang, "Adopting co-evolution and



- constraint-satisfaction concept on genetic algorithms to solve supply chain network design problems,” *Expert Systems with Applications*, vol. 37, pp. 6919-6930, 2010.
- [13] T.L. Hu, J.B. Sheu, and K.H. Huang, “A reverse logistics cost minimization model for the treatment of hazardous wastes,” *Transportation Research Part E*, vol. 38, pp. 457-473, 2002.
- [14] S. Pokharel and A. Muthab, “Perspectives in reverse logistics: A review,” *Resources, Conservation and Recycling*, vol. 53, pp. 175-182, 2009.
- [15] L.H. Shih, “Reverse logistics system planning for recycling electrical appliances and computers in Taiwan,” *Resources, Conservation and Recycling*, vol. 32, pp. 55-72, 2001.
- [16] R. Pitakaso, *Meta Heuristic for solving the production planning and logistics management*, 1edition, Bangkok: Technology Promotion Association (Thailand-Japan), 2011 (in Thai).