



การประยุกต์ใช้วิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อหาค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุดสำหรับแผนการซักรถตัวอย่างเพื่อการยอมรับแบบสองชุด

วิมลมาศ บำรุงเศรษฐพงษ์*

สาขาวิชาสถิติประยุกต์ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี

ปราโมทย์ ฉลองรัตน์สกุล

สาขาวิชาคณิตศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลกรุงเทพ

* ผู้นิพนธ์ประสานงาน โทรศัพท์ 0 2549 4138 อีเมล: wimonmas_b@mutt.ac.th DOI: 10.14416/j.kmutnb.2019.11.003

รับเมื่อ 7 มิถุนายน 2562 แก้ไขเมื่อ 30 กรกฎาคม 2562 ตอบรับเมื่อ 18 สิงหาคม 2562 เผยแพร่ออนไลน์ 19 พฤศจิกายน 2562

© 2020 King Mongkut's University of Technology North Bangkok. All Rights Reserved.

บทคัดย่อ

แผนการซักรถตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุดภายใต้ความเสี่ยงของผู้ผลิตและผู้บริโภคเป็นเครื่องมือสำคัญในการกำหนดแผนการตรวจสอบผลิตภัณฑ์ที่เหมาะสม ซึ่งในสถานการณ์จริงผู้ใช้งานอาจไม่ทราบถึงค่าความเสี่ยงของผู้ผลิตและผู้บริโภคที่แท้จริง เพียงแต่ทราบสัดส่วนเสียในรุ่นการผลิต งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการเลือกแผนการซักรถตัวอย่างเพื่อการยอมรับแบบสองชุดที่เหมาะสมภายใต้แนวคิดที่ทราบเพียงค่าสัดส่วนเสียในรุ่นการผลิต และต้องการให้เกิดค่าใช้จ่ายรวมในการตรวจสอบ (TC) ต่ำที่สุด โดยประยุกต์ใช้วิธีทางพันธุกรรมช่วยคำนวณหาค่าที่เหมาะสมของขนาดตัวอย่าง (n_1, n_2) และจำนวนของเสียมากที่สุดที่ยอมรับได้ (c_1, c_2) ผลการศึกษาพบว่าเงื่อนไข $n_1 = n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$ ส่งผลให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด ส่วนเงื่อนไข $n_1 = 2n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$ จะส่งผลให้ค่าจำนวนของเสียที่ตรวจพบมากที่สุด นอกจากนี้พบว่าเมื่อขนาดตัวอย่างเพิ่มมากขึ้นจะส่งผลให้ค่าใช้จ่ายรวมในการตรวจสอบ (TC) จำนวนของเสียที่ตรวจพบ (N_d) และจำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ย (ATI) จะเพิ่มขึ้นด้วย ในขณะที่ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่น (P_a) และคุณภาพผ่านออก (AOQ) มีค่าลดลงตามลำดับ

คำสำคัญ: วิธีเชิงพันธุกรรม แผนการซักรถตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด การหาค่าที่เหมาะสม จำนวนของเสียที่ยอมรับได้



Application of Genetic Algorithm to Minimize Total Cost of Double Acceptance Sampling Plan

Wimonmas Bamrungsetthapong*

Division of Applied Statistics, Faculty of Science and Technology, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand

Pramote Charongrattanasakul

Division of Mathematics, Faculty of Science and Technology, Rajamangala University of Technology Krungthep, Bangkok, Thailand

* Corresponding Author, Tel. 0 2549 4138, E-mail: wimonmas_b@rmutt.ac.th DOI: 10.14416/j.kmutnb.2019.11.003

Received 7 June 2019; Revised 30 July 2019; Accepted 18 August 2019; Published online: 19 November 2019

© 2020 King Mongkut's University of Technology North Bangkok. All Rights Reserved.

Abstract

Double Acceptance Sampling Plan based on the producer's risk and consumer's risk is widely used tools to establish the optimal product inspection plans. In actually, producer's risk and consumer's risk are unknown values which only the proportion of defective in the batch production is known. This research aims to increase efficiency of selecting optimal double acceptance sampling plan under the minimum total cost for inspection (TC). The application of Genetic Algorithm is used to calculate the optimal sample size (n_1, n_2) and the optimal acceptance number of defectives (c_1, c_2). The results show that the optimal constraint $n_1 = n_2$ and $c_1 \leq c_2 - 1$ gives the minimum total cost while the optimal constraint $n_1 = 2n_2$ and $c_1 \leq c_2 - 1$ gives maximum number of defective item detected (N_d) respectively. In addition, when the sample size increases, the results of the analysis show that total cost for inspection (TC), defective items detected and the Average Total Inspection (ATI) are increasing while the probability of accepting the lot (P_a) and the Average Outgoing Quality (AOQ) are decreasing.

Keywords: Genetic Algorithm, Double Acceptance Sampling Plan, Optimization, Acceptance Number of Defectives

Please cite this article as: W. Bamrungsetthapong and P. Charongrattanasakul , "Application of genetic algorithm to minimize total cost of double acceptance sampling plan," *The Journal of KMUTNB*, vol. 30, no. 1, pp. 80-89, Jan.-Mar. 2020 (in Thai).

1. บทนำ

ในทุกครั้งที่มีการตรวจสอบคุณภาพของผลิตภัณฑ์ สิ่งทีค่าหนึ่งของผู้ตรวจสอบก็คือค่าใช้จ่ายในการตรวจสอบผลิตภัณฑ์ ซึ่งผู้ตรวจสอบพยายามที่จะใช้ค่าใช้จ่ายในการตรวจสอบต่ำที่สุด และมีประสิทธิภาพในการตรวจสอบมากที่สุด ดังนั้นในการตัดสินใจที่จะยอมรับผลิตภัณฑ์จากการตรวจสอบรุ่นแต่ละรุ่น จึงไม่ได้ขึ้นอยู่กับแผนการตรวจสอบแผนใดแผนหนึ่งเป็นเกณฑ์ แต่จะเป็นการเลือกแผนการตรวจสอบที่เหมาะสมกับผลิตภัณฑ์ที่จะทำการตรวจสอบว่าต้องการประสิทธิภาพจากการตรวจสอบมากน้อยเพียงใด ตารางดอตจและโรมิกถือว่เป็นเครื่องมือสำหรับแผนการชักตัวอย่างที่ใช้กันอย่างแพร่หลายและยาวนาน โดยจำเป็นต้องทราบขนาดของรุ่น และร้อยละของผลิตภัณฑ์เสียในกระบวนการผลิต ภายใต้การตัดสินใจว่าจะให้มีร้อยละของผลิตภัณฑ์เสียในรุ่นของการยอมรับเป็นเท่าไร และความเสี่ยงของผู้บริโภคหรือผู้ผลิตเป็นเท่าไรจึงจะสามารถหาแผนการสุ่มตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นที่เหมาะสมได้ ปัจจุบันมีนักวิจัยจำนวนมากได้ทำการศึกษากำหนดแผนการสุ่มตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่น โดยใช้เทคนิคการหาค่าที่เหมาะสมด้วยวิธีเชิงพันธุกรรม อาทิ อุดลย์ [1] ได้พัฒนาวิธีทางพันธุกรรม (Genetic Algorithm) ผสมกับวิธีการค้นหาเฉพาะที่ (Local Search) เพื่อช่วยในการแก้ปัญหาการหาค่าที่เหมาะสม จากผลการศึกษาพบว่าวิธีดังกล่าวสามารถแก้ปัญหาทั้งปัญหาขนาดเล็กและปัญหาขนาดใหญ่ได้ดี โดยการนำผลลัพธ์ที่ได้ไปใช้จริงจะส่งผลให้โรงงานผลิตชิ้นส่วนและสามารถลดต้นทุนด้านเวลา ด้านทรัพยากร ด้านการบริหารจัดการ และด้านพลังงาน เป็นต้น Duarte และ Saraiva [2] ได้เสนอกระบวนการหาค่าที่เหมาะสมโดยมีฟังก์ชันวัตถุประสงค์เพื่อหาค่าต่ำที่สุดของค่าผิดพลาด (Error) สำหรับความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่นสำหรับแผนการสุ่มตัวอย่างชุดเดียวและสองชุดภายใต้ขนาดตัวอย่างและจำนวนของเสียที่ยอมรับได้ที่เหมาะสมด้วยโปรแกรม GAMS โดยนำเสนอในรูปแบบของเส้นโค้งไอซี Kaya [3] ได้ใช้วิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อกำหนดขนาดตัวอย่างของแผนภูมิควบคุมคุณลักษณะสำหรับกระบวนการแบบหลายขั้นตอนโดยมีฟังก์ชันวัตถุประสงค์คือหาค่าใช้จ่าย

ที่ต่ำที่สุดและหาค่าความน่าจะเป็นมากที่สุดในการยอมรับรุ่น มีการนำเสนอการกำหนดอัตราการสลับที่โครโมโซม และการกลายพันธุ์ของโครโมโซมที่แตกต่างกัน 5 แบบ เพื่อให้วิธีเชิงพันธุกรรมมีประสิทธิภาพเพิ่มมากขึ้น Kobilinsky และ Bertheau [4] ได้เสนอแผนการควบคุมฟังก์ชันค่าใช้จ่ายในการชักตัวอย่างเพื่อการตรวจสอบซึ่งขึ้นอยู่กับจำนวนกลุ่มตรวจสอบและขนาดตัวอย่างสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบชุดเดียว และสองชุดภายใต้ความเหมาะสมของความเสี่ยงของผู้ผลิตและความเสี่ยงของผู้บริโภค Cheng และ Chen [5] ได้นำวิธีเชิงพันธุกรรมมาประยุกต์ในการออกแบบแผนการสุ่มตัวอย่างสองครั้งโดยมีฟังก์ชันวัตถุประสงค์เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการออกแบบให้แผนการสุ่มตัวอย่าง ให้สามารถใช้งานได้สะดวกเพื่อการควบคุมคุณภาพงานก่อสร้าง และช่วยลดค่าตลาดเคลื่อนของค่า α และ β รวมถึงลดขนาดตัวอย่างที่สุ่มตรวจสอบลงอีกด้วย ผลการศึกษาพบว่าวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถช่วยค้นหาข้อมูลที่ดีที่สุดได้อย่างมีประสิทธิภาพและมีความถูกต้องมากขึ้น Sampath และ Deepa [6] ได้เสนอแผนการชักตัวอย่างสองชุดโดยใช้วิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อหาขนาดตัวอย่างและจำนวนเสียที่ยอมรับได้ภายใต้ความเสี่ยงของผู้ผลิตและผู้บริโภค Hsu [7] ได้เสนอฟังก์ชันค่าใช้จ่ายในการตรวจสอบสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบชุดเดียว เพื่อหาค่าใช้จ่ายที่น้อยที่สุดให้เหมาะสมกับความต้องการของทั้งผู้ผลิตและผู้บริโภค ผลการศึกษาพบว่าตัวแบบฟังก์ชันค่าใช้จ่ายสามารถช่วยผู้ผลิตและผู้บริโภคในการตรวจสอบของเสีย คำนวณค่าใช้จ่าย เพื่อช่วยในการประเมินความต้องการรักษาคุณภาพของผลิตภัณฑ์ และความเสี่ยงของผู้ผลิตและผู้บริโภค Braimah และคณะ [8] ได้เสนอการหาค่าที่เหมาะสมของตัวแบบทางคณิตศาสตร์เพื่อหาขนาดตัวอย่างและขอบเขตของช่วงสุ่มสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นโดยมีข้อกำหนดว่าจำนวนเสียมากที่สุดที่ยอมรับได้ในการตรวจสอบเป็นศูนย์ ภายใต้ความเสี่ยงของผู้ผลิตและผู้บริโภค ผลการศึกษาพบว่าแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุดมีประสิทธิภาพมากกว่าแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบชุดเดียวภายใต้ความเสี่ยงของผู้ผลิตและผู้บริโภค

จากที่กล่าวมาข้างต้น พบว่างานวิจัยส่วนใหญ่พิจารณาแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นภายใต้ความเสี่ยงของผู้ผลิตและผู้บริโภคเป็นหลัก ซึ่งในสถานการณ์จริงนั้นผู้ใช้งานอาจไม่ทราบถึงค่าความเสี่ยงของผู้ผลิตและผู้บริโภคที่แท้จริง เพียงแต่ทราบสัดส่วนเสียในรุ่นการผลิตงานวิจัยนี้ได้นำวิธีเชิงพันธุกรรมมาประยุกต์ใช้ในการหาค่าที่เหมาะสมของขนาดตัวอย่างและจำนวนของเสียที่ยอมรับได้ภายใต้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุดในการตรวจสอบผลิตภัณฑ์ เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการออกแบบสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด

2. วิธีการวิจัย

ในการประยุกต์วิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อหาค่าตอบที่เหมาะสมภายใต้วัตถุประสงค์ที่ผู้วิจัยต้องการศึกษาสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุดมีขั้นตอนการดำเนินการวิจัยดังนี้

2.1 สร้างแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด

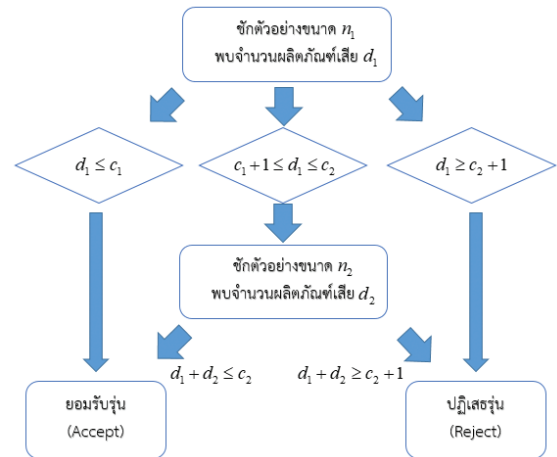
เป็นแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุดที่มีการสุ่มตัวอย่างสินค้าจากรุ่น มาตรวจสอบ 2 ครั้ง ในกรณีที่สุ่มครั้งแรกแล้วไม่สามารถทำการตัดสินใจยอมรับหรือปฏิเสธรุ่นสินค้าได้ ซึ่งหมายความว่าในแผนการสุ่มตัวอย่างสองครั้งจะมี 2 แนวทางปฏิบัติคือ

แนวทางที่ 1 สุ่มตัวอย่างตรวจสอบเพียงครั้งเดียวแล้วตัดสินใจยอมรับหรือปฏิเสธรุ่นได้เลย

แนวทางที่ 2 ไม่สามารถตัดสินใจ ยอมรับหรือปฏิเสธได้ในการสุ่มตัวอย่างตรวจสอบครั้งแรก จึงจำเป็นต้องทำการสุ่มตัวอย่างมาตรวจสอบอีกเป็นครั้งที่สองแล้วจึงสามารถตัดสินใจยอมรับหรือปฏิเสธรุ่นได้ (ดังแสดงในรูปที่ 1)

2.2 ฟังก์ชันค่าใช้จ่ายรวมสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด

ในส่วนนี้จะกล่าวถึงฟังก์ชันค่าใช้จ่ายรวมในการตรวจสอบผลิตภัณฑ์ [7] ซึ่งประกอบด้วยค่าใช้จ่าย 3 ส่วน ได้แก่ ค่าใช้จ่ายที่ใช้ในการตรวจสอบ ค่าใช้จ่ายที่ใช้ในการเปลี่ยนของเสียเป็น



รูปที่ 1 แผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด

ของดีเมื่อตรวจพบของเสียในการตรวจสอบ และค่าใช้จ่ายที่ใช้ในการเปลี่ยนผลิตภัณฑ์ที่ลูกค้านำมาเปลี่ยนภายหลังจากจำหน่ายไป แสดงดังสมการที่ (1)

$$TC = C_I \cdot ATI + C_F \cdot N_d + C_O \cdot N_n \quad (1)$$

จำนวนของเสียที่ตรวจพบในการตรวจสอบสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด แสดงดังสมการที่ (2)–(5)

$$N_d = (n_1 + n_2)p + (1 - P_a(p))(N - (n_1 + n_2))p \quad (2)$$

$$P_a^1(p) = \sum_{d_1=0}^{c_1} \binom{n_1}{d_1} p^{d_1} (1-p)^{n_1-d_1} \quad (3)$$

$$P_a^2(p) = \sum_{d_1=c_1+1}^{c_2-1} \binom{n_1}{d_1} p^{d_1} (1-p)^{n_1-d_1} \sum_{d_2=0}^{c_2-d_1} \binom{n_2}{d_2} p^{d_2} (1-p)^{n_2-d_2} \quad (4)$$

$$P_a(p) = P_a^1(p) + P_a^2(p) \quad (5)$$

จำนวนของเสียที่ตรวจไม่พบสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด แสดงดังสมการที่ (6)

$$N_n = P_a(p)(N - (n_1 + n_2))p \quad (6)$$

จำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ยสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุดแสดงดังสมการที่ (7)

$$ATI = (n_1 + n_2)P_a(p) + N(1 - P_a(p)) \quad (7)$$

ดังนั้นร้อยละของจำนวนของเสียสำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุดแสดงดังสมการที่ (8)

$$AOQ = (P_a^1(p)(N - n_1) + P_a^2(p)(N - n_1 - n_2)) \frac{P}{N} \quad (8)$$

2.3 วิธีเชิงพันธุกรรมสำหรับการหาค่าที่เหมาะสม

วิธีเชิงพันธุกรรมเป็นวิธีการหนึ่งที่ใช้ในการค้นหาและแก้ปัญหาเพื่อให้ได้คำตอบที่เหมาะสมที่สุด [9] ซึ่งพัฒนาโดยการจำลองวิธีการมาจากกระบวนการเชิงพันธุกรรม โดยข้อมูลจะถูกพิจารณาในรูปของการเข้ารหัส ที่เรียกว่าโครโมโซม ซึ่งจะมีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากโครโมโซมรุ่นพ่อแม่สู่รุ่นลูก โดยต้องมีการกำหนดฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) ที่สอดคล้องกับปัญหา และพิจารณาหาค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของโครโมโซมต่อปัญหาที่ต้องการคำนวณหาคำตอบ โดยใช้ตัวดำเนินการต่างๆ ทางพันธุกรรมมากระทำกับกลุ่มของโครโมโซมเริ่มต้น จนได้โครโมโซมรุ่นใหม่ที่มีค่าความเหมาะสมกับปัญหามากขึ้น และได้โครโมโซมที่แทนคำตอบที่ถูกต้องหรือเหมาะสมที่สุดกับปัญหา

2.3.1 องค์ประกอบของวิธีเชิงพันธุกรรม

1. การถอดรหัส (Chromosome Encoding) หรือการได้มาซึ่งโครโมโซมคือปัญหาแรกที่จะเริ่มแก้ปัญหาโดยใช้วิธีเชิงพันธุกรรม

2. ประชากรเริ่มต้น (Initial Population) คือการสุ่มเลือกเพื่อสร้างประชากรต้นแบบขึ้นมาเพื่อใช้เป็นจุดเริ่มต้นของขั้นตอนการวิวัฒนาการ

3. การหาค่าที่เหมาะสม (Fitness Function) เป็นวิธีสำหรับประเมินค่าความเหมาะสมเพื่อให้คะแนนสำหรับคำตอบต่างๆ ที่เป็นไปได้ของปัญหาโครโมโซมทุกตัวจะมีค่าความเหมาะสมของตัวเองเพื่อใช้สำหรับพิจารณาว่าโครโมโซมนั้นเหมาะสมหรือไม่

ที่จะนำมาใช้สืบทอดพันธุกรรมเพื่อสร้างโครโมโซมรุ่นใหม่

4. การคัดเลือก (Selection) เพื่อให้เกิดการอยู่รอดของสิ่งมีชีวิตนั้นโดยคัดเลือกมาเป็นโครโมโซมพ่อแม่และโครโมโซมแม่หรือที่เรียกว่า Parents โดยมีรูปแบบในการคัดเลือกโครโมโซมที่น่าพอใจที่สุดเพื่อนำไปสืบพันธุ์ เช่น การคัดเลือกแบบวงล้อรูเล็ตต์ (Roulette wheel) การคัดเลือกแบบจัดอันดับ (Ranking) เป็นต้น

5. การสลับสายพันธุ์ (Crossover) เมื่อเกิดการสลับสายพันธุ์จะทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงที่หลากหลาย ขั้นตอนในการสลับสายพันธุ์คือการนำสองโครโมโซมมาผสมกันเพื่อให้ได้โครโมโซมใหม่ขึ้นมา

6. การกลายพันธุ์ (Mutation) นำรุ่นลูกที่มีการสลับสายพันธุ์ มาดำเนินการกลายพันธุ์ต่อไป โดยจะสุ่มเลือกบิตเพียงเล็กน้อย จะมีการเปลี่ยนแปลงค่าจาก 1 เป็น 0 หรือจาก 0 เป็น 1

ในการสร้างจำนวนโครโมโซมรุ่นถัดไป ถ้ากำหนดให้จำนวนโครโมโซมในแต่ละรุ่นมากจะทำให้วิธีเชิงพันธุกรรมประมวลผลได้ช้าลง ความน่าจะเป็นของการสลับสายพันธุ์ (Probability Crossover) ส่วนใหญ่มีค่าอยู่ที่ 0.70-1.0 ความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ (Probability Mutation) ส่วนใหญ่มีค่าอยู่ที่ 0.02-0.18 ทั้งนี้การกำหนดค่าจะขึ้นอยู่กับความเหมาะสมของปัญหาด้วย และหากกำหนดจำนวนโครโมโซมที่ใช้ในการสร้างรุ่นถัดไปมากจะทำให้วิธีเชิงพันธุกรรมประมวลผลได้ช้าลง [9]

2.4 ประยุกต์วิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อหาคำตอบที่เหมาะสม

ในส่วนนี้ผู้วิจัยจะคำนวณหาคำตอบต่างๆ ที่เหมาะสมเพื่อให้ได้ค่าใช้จ่ายรวมที่ต่ำที่สุด โดยใช้โปรแกรม MATLAB Toolbox ช่วยในการจำลองหาค่าที่เหมาะสมด้วยวิธีเชิงพันธุกรรม เมื่อกำหนดขนาดของประชากรเป็น 50 ความน่าจะเป็นของการสลับสายพันธุ์เป็น 0.90 ความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ 0.01 รายละเอียดดังนี้

2.4.1 หาค่าที่เหมาะสมสำหรับฟังก์ชันวัตถุประสงค์ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด

$$\text{Minimize } TC = C_1 \cdot ATI + C_F \cdot N_d + C_O \cdot N_n$$

โดยมีเงื่อนไขดังนี้

เงื่อนไขที่ 1 $n_1 = n_2$ และ $c_1 = 0, c_2 \geq 0$

เงื่อนไขที่ 2 $2n_1 = n_2$ และ $c_1 = 0, c_2 \geq 0$

เงื่อนไขที่ 3 $n_1 = 2n_2$ และ $c_1 = 0, c_2 \geq 0$

เงื่อนไขที่ 4 $n_1 = n_2$ และ $c_1 = 1, c_2 \geq 0$

เงื่อนไขที่ 5 $2n_1 = n_2$ และ $c_1 = 1, c_2 \geq 0$

เงื่อนไขที่ 6 $n_1 = 2n_2$ และ $c_1 = 1, c_2 \geq 0$

เงื่อนไขที่ 7 $n_1 = n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$

เงื่อนไขที่ 8 $2n_1 = n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$

เงื่อนไขที่ 9 $n_1 = 2n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$

โดยกำหนดค่าเริ่มต้นดังต่อไปนี้

$$N = 1,000, p = 0.01, C_1 = 1, C_F = 2 \text{ และ } C_O = 10$$

2.4.2 พิจารณาเปรียบเทียบค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด และขนาดตัวอย่างที่เหมาะสมเมื่อกำหนดให้สัดส่วนเสียของผลิตภัณฑ์ในรุ่นเปลี่ยนแปลงไป ภายใต้เงื่อนไข $n_1 = n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$ เมื่อกำหนด $p = 0.05$ และ $p = 0.10$ ตามลำดับ

3. ผลการวิจัย

ในส่วนนี้ได้ดำเนินการวิจัยโดยพิจารณาค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด ด้วยการทดสอบตัวแบบภายใต้เงื่อนไข 9 เงื่อนไข

โดยใช้โปรแกรม MATLAB เพื่อคำนวณหาค่าที่เหมาะสมของจำนวนของเสียที่ยอมรับได้ในการสุ่มครั้งที่ 2 (c_2) ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด (TC) ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่น (P_a) จำนวนของเสียที่ตรวจพบในการตรวจสอบ (N_d) จำนวนของเสียที่ตรวจไม่พบในการตรวจสอบ (N_n) คุณภาพผ่านออก (AOQ) และจำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ย (ATI) ตามลำดับ สามารถอธิบายผลการวิจัยได้ดังต่อไปนี้

จากตารางที่ 1 เมื่อพิจารณาภายใต้ข้อกำหนด $c_1 = 0, c_2 \geq 0$ และขนาดตัวอย่างที่แตกต่างกันภายใต้เงื่อนไขที่ 1-3 พบว่าค่า c_2 ที่เหมาะสมที่ทำให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด ได้แก่ $c_2 = 2$ จากตารางที่ 2 พิจารณาภายใต้ข้อกำหนด $c_1 = 1, c_2 \geq 0$ และขนาดตัวอย่างที่แตกต่างกันภายใต้เงื่อนไขที่ 4-6 พบว่าค่า c_2 ที่เหมาะสมที่ทำให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด ได้แก่ $c_2 = 3$ และจากตารางที่ 3 เมื่อพิจารณาภายใต้ข้อกำหนด $c_1 \leq c_2 - 1$ และขนาดตัวอย่างที่แตกต่างกันภายใต้เงื่อนไขที่ 7-9 พบว่าค่า c_1 และ c_2 ที่เหมาะสมที่ทำให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด ได้แก่ $c_1 = 1$ และ $c_2 = 3$ ตามลำดับ

หากพิจารณาที่ $n_1 = n_2$ (เงื่อนไข 1, 4 และ 7) พบว่าเงื่อนไขที่ 4 และ 7 ให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำกว่าเงื่อนไขที่ 1 หากพิจารณาที่ $2n_1 = n_2$ (เงื่อนไข 2, 5 และ 8) พบว่า เงื่อนไข

ตารางที่ 1 ค่าตัวแปรต่างๆ ที่ต้องการศึกษาภายใต้ข้อกำหนด $c_1 = 0, c_2 \geq 0$

เงื่อนไข	n_1	n_2	c_2	TC	P_a	N_d	N_n	AOQ	ATI
เงื่อนไขที่ 1 $n_1 = n_2$	5	5	2	105	0.999	0.1102	9.8898	0.0099	6.262
	10	10	2	114	0.9953	0.2456	9.7544	0.0098	15.519
	20	20	2	138	0.9804	0.5886	9.4114	0.0096	42.5011
	50	50	2	258	0.8832	2.0509	7.9491	0.0083	174.8364
เงื่อนไขที่ 2 $2n_1 = n_2$	5	10	2	105	0.9988	0.1617	9.8383	0.0099	6.6574
	10	20	2	115	0.9942	0.3563	9.6437	0.0098	17.5445
	20	40	2	146	0.9731	0.8528	9.1472	0.0095	52.5651
	50	100	2	311	0.8298	2.9465	7.0535	0.0077	234.1486
เงื่อนไขที่ 3 $n_1 = 2n_2$	10	5	2	113	0.9956	0.1929	9.8071	0.0099	14.7685
	20	10	2	135	0.9824	0.4704	9.5296	0.0096	38.8583
	40	20	2	198	0.9347	1.2138	8.7862	0.0089	107.9965
	100	50	2	452	0.7027	4.0271	5.9729	0.0062	384.4076

ตารางที่ 2 ค่าตัวแปรต่างๆ ที่ต้องการศึกษาภายใต้ข้อกำหนด $c_1 = 1, c_2 \geq 0$

เงื่อนไข	n_1	n_2	c_1	c_2	TC	P_a	N_d	N_n	AOQ	ATI
เงื่อนไขที่ 4 $n_1 = n_2$	5	5	1	3	104	1	0.1001	9.8999	0.0099	5.0156
	10	10	1	3	109	0.9999	0.2013	9.7987	0.0099	10.1716
	20	20	1	3	118	0.9987	0.4122	9.5878	0.0098	21.5572
	50	50	1	3	164	0.9794	1.1852	8.8148	0.0093	72.9939
เงื่อนไขที่ 5 $2n_1 = n_2$	5	10	1	3	104	1	0.1501	9.8499	0.0099	5.0236
	10	20	1	3	108	0.9998	0.3018	9.6982	0.0099	10.2637
	20	40	1	3	118	0.9980	0.6185	9.3815	0.0098	22.5230
	50	100	1	3	173	0.9662	1.7873	8.2127	0.0091	87.6722
เงื่อนไขที่ 6 $n_1 = 2n_2$	10	5	1	3	109	0.9999	0.1512	9.8488	0.0099	10.1375
	20	10	1	3	119	0.9989	0.3104	9.6896	0.0098	21.2077
	40	20	1	3	144	0.9916	0.6789	9.3211	0.0095	49.1060
	100	50	1	3	331	0.8387	3.7095	6.2905	0.0074	260.5890

ตารางที่ 3 ค่าตัวแปรต่างๆ ที่ต้องการศึกษาภายใต้ข้อกำหนด $c_1 \leq c_2 - 1$

เงื่อนไข	n_1	n_2	c_1	c_2	TC	P_a	N_d	N_n	AOQ	ATI
เงื่อนไขที่ 7 $n_1 = n_2$	5	5	1	3	104	1	0.1001	9.8999	0.0099	5.0156
	10	10	1	3	109	0.9999	0.2013	9.7987	0.0099	10.1716
	20	20	2	3	118	0.9987	0.4122	9.5878	0.0098	21.5572
	50	50	2	4	145	0.9973	1.0242	8.9758	0.0095	53.1111
เงื่อนไขที่ 8 $2n_1 = n_2$	5	10	1	3	104	1	0.1501	9.8499	0.0099	5.0236
	10	20	2	3	108	0.9999	0.3011	9.6989	0.0099	10.1127
	20	40	2	4	115	0.9999	0.6009	9.3991	0.0098	20.1351
	50	100	2	3	150	0.9862	1.6174	8.3826	0.0094	63.1264
เงื่อนไขที่ 9 $n_1 = 2n_2$	10	5	1	3	109	0.9999	0.1512	9.8488	0.0099	10.1375
	20	10	2	4	118	1	0.3005	9.6995	0.0098	20.0554
	40	20	1	3	144	0.9916	0.6789	9.3211	0.0095	49.1060
	100	50	1	3	276	0.9041	2.3152	7.6848	0.0081	194.7325

ที่ 8 ให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด และหากพิจารณาที่ $n_1 = 2n_2$ (เงื่อนไข 3, 6 และ 9) พบว่า เงื่อนไขที่ 9 ให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด และเมื่อพิจารณาถึงภาพรวมขนาดตัวอย่างในการสุ่มที่แตกต่างกันทั้ง 3 รูปแบบ พบว่ากรณี $n_1 = n_2$ ให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด ตามลำดับ

จากตารางที่ 1-3 เมื่อพิจารณาถึงขนาดตัวอย่างที่สุ่มมา

ตรวจสอบของทุกเงื่อนไขพบว่า เมื่อขนาดตัวอย่างเพิ่มมากขึ้น ค่าใช้จ่ายรวม จำนวนของเสียที่ตรวจพบ และจำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ยจะเพิ่มมากขึ้น ในทางตรงกันข้าม หากขนาดตัวอย่างเพิ่มมากขึ้นจะส่งผลให้ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่นและคุณภาพผ่านออกลดลงตามลำดับ

ผู้วิจัยได้ทดสอบฟังก์ชันวัตถุประสงค์ค่าใช้จ่ายรวม

ตารางที่ 4 ค่าตัวแปรต่างๆ ที่ต้องการศึกษาภายใต้ข้อกำหนด $n_1 = n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$ เมื่อ $p = 0.05$ และ $p = 0.10$

	n_1	n_2	c_1	c_2	TC	P_a	N_d	N_n	AOQ	ATI
$p = 0.05$	5	5	1	3	502	0.9984	0.5813	49.4187	0.0497	6.7389
	10	10	2	4	503	0.9981	1.0946	48.9054	0.0494	12.0072
	20	20	1	3	581	0.8747	8.0156	41.9844	0.0427	145.5949
	50	50	2	3	781	0.5405	25.6760	24.3240	0.0257	486.4935
$p = 0.10$	5	5	2	3	999	0.9914	1.8474	98.1526	0.0986	13.5172
	10	10	1	3	1,020	0.8787	13.8885	86.1115	0.0868	131.5240
	20	20	2	4	1,042	0.7514	27.8651	72.1349	0.0663	336.6117
	50	50	3	4	1,142	0.2503	77.4735	22.5265	0.0238	762.2208

ต่ำที่สุด โดยพิจารณากรณีที่สัดส่วนเสียของผลิตภัณฑ์ในรุ่นเปลี่ยนแปลงไปโดยกำหนดให้ $p = 0.05$ และ 0.10 ภายใต้เงื่อนไขข้อกำหนด $n_1 = n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$ โดยใช้โปรแกรม MATLAB เพื่อช่วยคำนวณหาค่าที่เหมาะสมของตัวแปรต่างๆ ได้แก่ ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด (TC) จำนวนของเสียที่ยอมรับได้ (c_1, c_2) ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่น (P_a) จำนวนของเสียที่ตรวจพบในการตรวจสอบ (N_d) จำนวนของเสียที่ตรวจไม่พบในการตรวจสอบ (N_n) คุณภาพผ่านออก (AOQ) และจำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ย (ATI) ตามลำดับ สามารถอธิบายผลการศึกษาดังต่อไปนี้

จากตารางที่ 4 หากพิจารณาภายใต้เงื่อนไข $n_1 = n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$ เมื่อ $p = 0.05$ และ $p = 0.10$ หากพิจารณาที่ขนาดตัวอย่างพบว่าเมื่อขนาดตัวอย่างเพิ่มมากขึ้น จะส่งผลให้ค่าใช้จ่ายรวม และจำนวนของเสียที่ตรวจพบ และจำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ยเพิ่มมากขึ้น ในขณะที่ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่น และคุณภาพผ่านออกจะน้อยลง

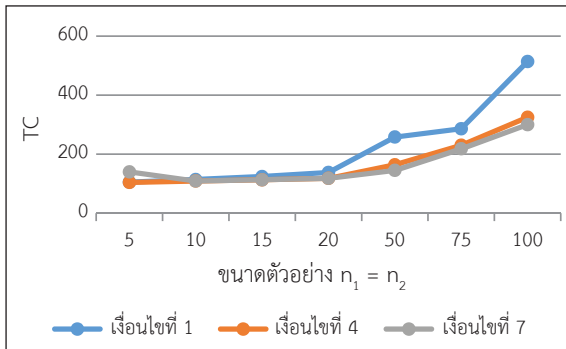
เมื่อพิจารณาที่ $p = 0.05$ พบว่าควรเลือกแผน (n_1, n_2) = (5, 5) ซึ่งจะทำได้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุดคือ 502 บาท โดยมีจำนวนของเสียมากที่สุดที่ยอมรับได้เป็น (c_1, c_2) = (1, 3) และมีความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่นสูงที่สุดคือ 0.9984 มีคุณภาพผ่านออก 0.0497 และมีจำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ย 6.7389 ตามลำดับ และเมื่อพิจารณาที่ $p = 0.10$ พบว่าควรเลือกแผน (n_1, n_2) = (5, 5) ซึ่งจะทำได้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุดคือ 999 บาท โดยมีจำนวนของเสียมาก

ที่สุดที่ยอมรับได้เป็น (c_1, c_2) = (2, 3) และมีความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่นสูงที่สุดคือ 0.9914 มีคุณภาพผ่านออก 0.0986 และมีจำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ย 13.5172 ตามลำดับ

4. อภิปรายผลและสรุป

จากการศึกษาการประยุกต์ใช้วิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อช่วยหาค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด และหาค่าที่เหมาะสมสำหรับตัวแปรต่างๆ สำหรับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับแบบสองชุดสามารถสรุปผลการวิจัยได้ดังนี้

ค่าใช้จ่ายรวมที่ใช้ในการตรวจสอบจะเพิ่มมากขึ้นเมื่อกำหนดขนาดตัวอย่างเพิ่มมากขึ้น และจะส่งผลให้ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่นลดลง โดยจะตรวจพบจำนวนของเสียมากขึ้น รูปที่ 2 แสดงให้เห็นว่าแผนการตรวจสอบภายใต้เงื่อนไขที่ 4 $n_1 = n_2, c_1 = 1, c_2 \geq 0$ และเงื่อนไขที่ 7 $n_1 = n_2, c_1 \leq c_2 - 1$ มีค่าใช้จ่ายรวมที่ใช้ในการตรวจสอบไม่แตกต่างกันเมื่อขนาดตัวอย่าง (n) มีค่าน้อย แต่จะเกิดความแตกต่างกันเมื่อขนาดตัวอย่าง (n) มีค่ามาก เมื่อพิจารณาภาพรวมทั้ง 9 เงื่อนไขที่ทดสอบ พบว่าภายใต้ข้อกำหนด $n_1 = n_2$ และ $c_1 \leq c_2 - 1$ ให้ค่าใช้จ่ายรวมต่ำที่สุด เมื่อพิจารณาค่าสัดส่วนเสีย p ที่เปลี่ยนแปลงไป พบว่ายิ่งค่าสัดส่วนของเสียเพิ่มมากขึ้น จะทำให้ค่าใช้จ่ายรวมในการตรวจสอบจะเพิ่มมากขึ้น นอกจากนี้ยังพบว่าจำนวนของเสียที่ตรวจพบเพิ่มมากขึ้นเมื่อขนาดตัวอย่างเพิ่มขึ้นด้วย หากต้องการตรวจพบจำนวนของเสีย



รูปที่ 2 ค่าใช้จ่ายรวมที่ใช้ในการตรวจสอบภายใต้การเปรียบเทียบเงื่อนโซ่ที่ 1, 4 และ 7

ให้มากที่สุดควรใช้ขนาดตัวอย่างแบบ $n_1 = 2n_2$

งานวิจัยนี้เป็นออกแบบแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด โดยมีค่าใช้จ่ายรวมในการตรวจสอบต่ำที่สุด มีขนาดตัวอย่าง (n_1 , n_2) และจำนวนของเสียที่ยอมรับได้ (c_1 , c_2) ที่เหมาะสมโดยนำวิธีเชิงพันธุกรรมมาช่วยในการคำนวณหาค่าที่เหมาะสมของตัวแปรต่างๆ โดยทำการจำลองข้อมูลที่มีขนาดรุ่น $N = 1,000$ ดังนั้นหากต้องการนำไปประยุกต์ใช้ควรทราบค่าขนาดรุ่น และสัดส่วนเสียของผลิตภัณฑ์ในรุ่นที่ต้องการตรวจสอบเพื่อให้ได้แผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบสองชุด นอกจากนี้ยังสามารถนำไปประยุกต์ต่อยอดเพื่อใช้กับแผนการชักตัวอย่างเพื่อการยอมรับรุ่นแบบหลายชุดอีกด้วย

รายการสัญลักษณ์

- N ขนาดรุ่น
- n_1 ขนาดตัวอย่างในการสุ่มตรวจสอบครั้งที่ 1
- n_2 ขนาดตัวอย่างในการสุ่มตรวจสอบครั้งที่ 2
- d_1 จำนวนของเสียที่ตรวจพบในการสุ่มครั้งที่ 1
- d_2 จำนวนของเสียที่ตรวจพบในการสุ่มครั้งที่ 2
- c_1 จำนวนของเสียที่ยอมรับได้ในการสุ่มครั้งที่ 1
- c_2 จำนวนของเสียที่ยอมรับได้ในการสุ่มครั้งที่ 2
- $P_a(p)$ ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่น
- $P_a^2(p)$ ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่นในการสุ่มตรวจสอบครั้งที่ 1

$P_a^2(p)$ ความน่าจะเป็นที่จะยอมรับรุ่นในการสุ่มตรวจสอบครั้งที่ 2

- p สัดส่วนเสียของผลิตภัณฑ์ในแต่ละรุ่น
- N_a จำนวนของเสียที่ตรวจพบในการตรวจสอบ
- N_n จำนวนของเสียที่ตรวจไม่พบในการตรวจสอบ
- C_1 ค่าใช้จ่ายที่ใช้ในการตรวจสอบต่อหน่วย
- C_F ค่าใช้จ่ายที่ใช้ในการเปลี่ยนของเสียเป็นของดี

เมื่อตรวจพบของเสียในการตรวจสอบต่อหน่วย

C_o ค่าใช้จ่ายที่ใช้ในการปรับเปลี่ยนผลิตภัณฑ์ที่ลูกค้านำมาเปลี่ยนภายหลังจากจำหน่ายไปต่อหน่วย

TC ค่าใช้จ่ายรวมในการตรวจสอบ (บาท)

ATI จำนวนตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบเฉลี่ย

AOQ คุณภาพผ่านออก

เอกสารอ้างอิง

- [1] A. Phukin, "Solving sequence of job scheduling problem by genetic algorithm with local search," *Industrial Technology Lampang Rajabhat University Journal*, vol. 7, no 2, pp. 111–126, 2014 (in Thai).
- [2] B. P. M. Duarte and P. M. Saraiva, "An optimization-based approach for designing attribute acceptance sampling plans," *International Journal of Quality & Reliability Management*, vol. 25, no. 8, pp. 824–841, 2008.
- [3] I. Kaya, "A genetic algorithm approach to determine the sample size for attribute control charts," *Information Sciences*, vol. 179, no. 10, pp. 1552–1566, 2009.
- [4] A. Kobilinsky and Y. Bertheau, "Minimum cost acceptance sampling plans for grain control, with application to GMO detection," *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, vol. 75, no. 2, pp. 189–200, 2005.
- [5] T. M. Cheng and Y. L. Chen, "A GA mechanism



- for optimizeng the desing of attribute-double-sampling-plan,” *Automation in Construction*, vol.16, no.3, pp.345–353, 2007.
- [6] S. Sampath and S. P. Deepa, “Determination of optimal double sampling plan using genetic algorithm,” *Pakistan Journal of Statistics & Operation Research*, vol. 8, no.2, pp. 195–203, 2012.
- [7] L. F. Hsu and J. T. Hsu, “Economic design of acceptance sampling plans in a Two-Stage supply chain,” *Advances in Decision Sciences*, vol. 2012, Article ID 359082, pp. 1–14, 2012.
- [8] O. J. Braimah, Y. K Saheed, R. O. Owonipa, and I. O. Adegbite, “Economic reliability acceptance sampling plan design with zero acceptance, ” *African Journal of Computing & ICT*, vol. 8, no. 3, pp. 69–84, 2015.
- [9] A. Khadwilard, “Application of genetic algorithm for optimisation problems,” *RMUTP Research Journal*, vol. 5, no. 2, pp.153–163, 2011 (in Thai).