

## บทที่ 4

### วิธีการวิจัย

ในงานวิจัยนี้ได้ประยุกต์ใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการหาโครงสร้างของชั้นดินจากแบบจำลองและจากภาคสนาม อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์เป็นวิธีการที่เหมาะสมกับการค้นหาคำตอบของปัญหาที่มีความซับซ้อนและมีขอบเขตของการค้นหาที่กว้างมาก โดยหลักการคำนวณจะพิจารณาตัวแปรที่ต้องการค้นหาในรูปแบบของการเข้ารหัสที่เรียกว่าโครโมโซม (Chromosomes) และใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Fitness Function) ที่สอดคล้องกับปัญหาในการพิจารณาค่าความเหมาะสมของโครโมโซมที่มีต่อปัญหา ในการคำนวณจะใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมมากระทำกับกลุ่มของโครโมโซมเริ่มต้นจนกระทั่งได้โครโมโซมรุ่นใหม่ที่มีค่าความเหมาะสมกับปัญหามากขึ้น และทำซ้ำจนกระทั่งได้โครโมโซมที่แทนคำตอบที่ถูกต้องหรือเหมาะสมที่สุดกับปัญหา

แบบจำลองโครงสร้างชั้นดินที่ศึกษาจะเป็นโครงสร้างแบบเรียบลึกไม่เกิน 3 ชั้น โดยชั้นดินที่อยู่ข้างใต้จะวางตัวขนานหรือทำมุมเอียงกับชั้นดินข้างบนก็ได้ โดยตัวแปรที่ใช้ในการเปรียบเทียบรูปแบบของชั้นดินจะมีด้วยกัน 3 ตัว คือ ความเร็ว ( $v$ ) ความลึก ( $h$ ) และมุมเอียง ( $\phi$ ) ของชั้นดิน ซึ่งงานวิจัยนี้จะทำการสร้างชั้นดินจำลองขึ้นมาจากตัวแปรดังกล่าวข้างต้นแล้วทำการกำหนดค่าความห่างของจุดกำเนิดคลื่น (Shot point) และตัวรับคลื่น (Geophone) นำมาทำการคำนวณเวลาที่คลื่นเดินทางมาถึงยังตัวรับคลื่นแต่ละตัว จะได้กราฟที่พล็อตระหว่างเวลาและตำแหน่งของตัวกำเนิดคลื่น (Travel Time) ซึ่งในการออกภาคสนามจริง ผู้สำรวจจะได้เฉพาะกราฟนี้มาเท่านั้น แล้วจึงนำกราฟนี้มาแปรความกลับไปเป็นชั้นดินอีกที แต่งานวิจัยนี้จะทำการทดสอบให้โปรแกรมซึ่งเขียนโดยใช้กระบวนการทางคอมพิวเตอร์ที่เรียกว่าอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์หาชั้นดินที่จำลองขึ้นมาด้วยตัวโปรแกรมเอง โดยโปรแกรมจะทำการเข้ารหัสตัวแปรข้างต้นทั้ง 3 ตัวเป็นโครโมโซม 3 ชุด รวมกันเรียกว่าหนึ่งประชากร (Population) ซึ่งก็คือหนึ่งโครงสร้างของชั้นดินแล้วคำนวณเวลาที่คลื่นเดินทางมาถึงของแต่ละประชากร นำกราฟเวลาที่ได้ของแต่ละประชากรมาเปรียบเทียบกับกราฟที่ได้จากการสำรวจ กราฟของประชากรตัวใดมีค่าใกล้เคียงกับกราฟได้จากการสำรวจมากที่สุดว่ามีค่าความเหมาะสมมากที่สุดประชากรตัวนั้นก็จะมีโอกาสที่จะเข้าไปสู่รุ่นถัดไป (Next generation) ได้มาก ประชากรตัวที่ดีที่สุดในแต่ละรอบจะถูกเก็บไว้ แล้วทำการทำซ้ำไปเรื่อยๆ จนได้ค่า ฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) ที่น่าพอใจ ประชากรตัวที่ดีที่สุดนั้นก็คือแบบจำลองชั้นดินที่น่าจะเป็นไปได้ของโครงสร้างชั้นดินที่ทำการสำรวจนั่นเอง

หลังจากใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ทดลองหาชั้นดินที่ได้จากแบบจำลองแล้วก็จะทำการทดสอบกับกราฟเวลา (t-x graph) ที่ได้จากการออกภาคสนามจริงๆ เพื่อเปรียบเทียบผลที่ได้จากการหาโดยโปรแกรม Seismic Interpretation Program

#### 4.1 วัสดุอุปกรณ์

คอมพิวเตอร์ Pentium(R) 4 CPU 1.60 GHz, 256 MB RAM

Compiler ภาษา C++

โปรแกรมแปลความทางด้านคลื่นไหวสะเทือน Seismic Interpretation Program

ตัวรับคลื่น Geophone

เครื่องสำรวจคลื่นไหวสะเทือน Geometric SmartSeis S-42

สาย Seismic cable

เทปวัดความยาว 50 เมตร

ค้อน

#### 4.2 การเข้ารหัสโครโมโซมของโครงสร้างของชั้นดินได้แก่ ความเร็ว ความลึก และมุมเอียง ด้วยหลักการของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์

ขอบเขตของงานวิจัยนี้คือการหาโครงสร้างชั้นดิน 3 ชั้นเรียบและมุมเอียงได้ ดังนั้น คุณสมบัติและลักษณะของชั้นดินที่จะนำมาเข้ารหัสเป็นโครโมโซมตามหลักการอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ก็คือ ความเร็ว (Velocity) ความลึก (Depth) และมุมเอียง (Dip Angle) ทั้ง 3 คุณสมบัตินี้รวมกันเรียกว่าประชากร (Population) โดยเรากำหนดความเร็วของชั้นดินอยู่ในช่วง -330-8,000 เมตรต่อวินาที เนื่องจากความเร็วคลื่นที่ต่ำที่สุดคือความเร็วของอากาศมีค่า 330 เมตรต่อวินาทีและความเร็วคลื่นที่สูงที่สุดของดินมีค่าไม่เกิน 8,000 เมตรต่อวินาที เมื่อนำมาเข้ารหัสด้วยเลขฐานสอง จะใช้ความยาว 13 บิต เนื่องจากค่าความเร็วคลื่นที่มากที่สุดคือ 8,000 จำเป็นต้องใช้เลขฐานสองอย่างต่ำ 13 บิตจึงจะสามารถแทนค่า 8,000 ได้ โดย 0000101001010 จะแทนค่าความเร็วที่น้อยที่สุดของชั้นดิน คือ 330 เมตรต่อวินาที และ 1111101000000 จะแทนค่าความเร็วที่มากที่สุดของชั้นดินคือ 8,000 เมตรต่อวินาที สำหรับความลึกของชั้นดินนั้นจะกำหนดอยู่ในช่วง 0-20 เมตร เมื่อนำมาเข้ารหัสด้วยเลขฐานสอง จึงใช้ความยาวโครโมโซม 5 บิต เนื่องจากค่าความลึกที่มากที่สุดคือ 20 จำเป็นต้องใช้เลขฐานสองอย่างต่ำ 5 บิตจึงจะสามารถแทนค่า 20 ได้ โดยค่าความลึก 0 เมตรจะแทนค่าด้วย 00000 และค่าความลึก 20 เมตร จะแทนค่าด้วย 10100 และสำหรับมุมเอียงนี้จะกำหนดอยู่ในช่วง -15 – 15 องศา แทนค่าด้วยเลขฐานสอง 5 บิตเช่นกัน โดยที่ มุม -15 องศา แทน

ด้วย 00000 และ มุม 15 องศาแทนด้วย 11110 อย่างไรก็ตามยังมีโครโมโซมส่วนที่อยู่นอกเหนือขอบเขตของการพิจารณา ซึ่งจะไม่มีความหมายในการคำนวณ เช่น ในกรณีความเร็ว ยังอาจมีโครโมโซมที่เป็นเลขฐานสอง ที่ยังไม่เกินช่วง 13 บิตคือ 111110100100 ซึ่งก็คือความเร็วที่ 8100 เมตรต่อวินาที ดังนั้นจึงได้มีการกำหนดคบทลงโทษให้กับโครโมโซมเหล่านี้ โดยอาจทำการกำจัดโครโมโซมเหล่านั้นทิ้งไปโดยไม่ทำการพิจารณาหรือกำหนดให้มีโอกาสรอดในการคำนวณต่ำ

#### 4.3 หาฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) เพื่อใช้ในการคำนวณค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของประชากร

ในการคำนวณค่าความเหมาะสมของประชากรนี้จะใช้ค่าเวลาที่คลื่นมาถึงยังตัวรับคลื่นแต่ละตัว (Travel Time) ในการพิจารณาว่าประชากรใดมีค่าความเหมาะสมในการเข้าสู่กระบวนการต่อไปของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์มากกว่ากัน จะพิจารณาจากค่าความผิดพลาดสองแบบเพื่อเปรียบเทียบกันคือแบบ Root Mean Square Error และ แบบ Percent Error ซึ่งทั้งสองแบบจะใช้ผลต่างของเวลาที่คำนวณได้จากแบบจำลองโครงสร้างชั้นดินที่สร้างขึ้นด้วยโปรแกรม GASIP เปรียบเทียบกับเวลาที่ได้จากแบบจำลองโครงสร้างชั้นดินที่สร้างขึ้นด้วยโปรแกรม BMP (หรือเวลาที่ได้จากการออกภาคสนามจริงๆ) ดังสมการที่ 4.1 และ 4.2

$$RMSE\text{Error} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (t_i^{cal} - t_i^{obs})^2} \quad (4.1)$$

$$\%Error = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left| \frac{t_i^{cal} - t_i^{obs}}{t_i^{obs}} \right| \times 100 \quad (4.2)$$

โดยที่

$n$  คือจำนวนของ ตัวรับคลื่น หรือ จีโอโฟน(Geophone) ที่ใช้

$i$  คือหมายเลขตัวรับคลื่นแต่ละตัว

$t^{cal}$  และ  $t^{obs}$  คือ เวลาที่คำนวณได้จากโปรแกรม GASIP กับเวลาที่ได้จากโปรแกรม BMP (หรือเวลาที่ได้จากการออกภาคสนามจริงๆ) ตามลำดับ

#### 4.4 เขียนโปรแกรมประมวลผลอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ (Genetic Algorithm for Seismic Interpretation Program; GASIP) ด้วยภาษา C++

ได้ออกแบบคลาส (Class) ที่ใช้ในการคำนวณด้วยหลักการอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ โดยสร้างคลาสขึ้นมา 2 คลาส คือ คลาส GA ซึ่งห่อหุ้มตัวดำเนินการทางพันธุกรรมต่างๆ ที่ใช้ในการคำนวณตามขั้นตอนของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ และคลาส Geo ซึ่งจัดการในส่วนของโครโมโซมคือ ความเร็ว ความลึกและมุมเอียง และการคำนวณหาเวลาที่คลื่นเดินทางมาถึง ณ ตัวรับคลื่นที่ตำแหน่งต่างๆ ทั้งหมด ในการคำนวณจะใช้คลาสทั้งสองนี้มาประกอบกันใช้ในการคำนวณ

#### 4.5 เขียนโปรแกรมสร้างแบบจำลองชั้นดิน(Build Model Program; BMP) ด้วยภาษา C++

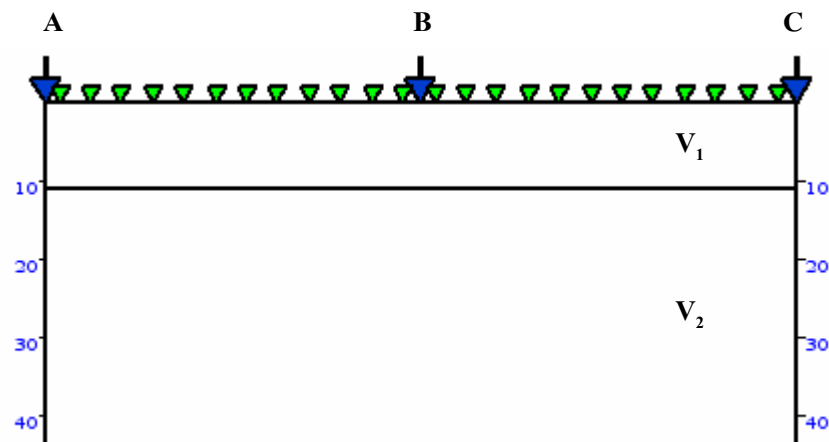
ได้ออกแบบคลาส (Class) สำหรับสร้างโมเดลจำลองโครงสร้างของชั้นดินขึ้นมาหนึ่งคลาสคือ คลาส BuildModel ซึ่งจะทำการจำลองโครงสร้างของชั้นดินขึ้นมาและสร้างข้อมูลเวลาที่คลื่นเดินทางมาถึง ณ ตัวรับคลื่นตำแหน่งต่างๆเพื่อที่จะใช้ในการทดสอบโปรแกรม GASIP

#### 4.6 ทำการทดลองโดยใช้โปรแกรม GASIP หาโครงสร้างชั้นดินที่จำลองขึ้นจากโปรแกรม BMP

หลังจากที่ได้สร้างโปรแกรมทั้ง 2 ส่วนสำเร็จแล้วก็จะทำการทดลอง โปรแกรม GASIP ว่าสามารถใช้ได้ดีเพียงใดโดยการให้โปรแกรมนี้หาโครงสร้างชั้นดินที่จำลองขึ้นจากโปรแกรม BMP โดยชั้นดินที่จำลองขึ้นมี 5 แบบ ด้วยกัน ได้แก่

(\*หมายเหตุ กำหนดชื่อจุดยิง จาก ซ้ายไปขวา เรียกว่า จุดยิง A, B และ C ตามลำดับ)

-แบบจำลองที่ 1 ชั้นดิน 2 ชั้นเรียบ ขนาน



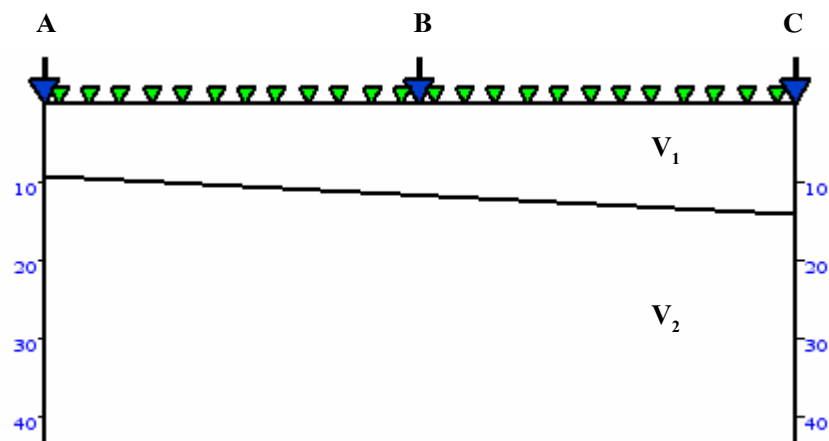
รายละเอียดตัวแปรต่างๆ

ความเร็วคลื่นของดินชั้นที่ 1 และ 2 คือ 800 และ 2,500 m/s ตามลำดับ

ความลึกของดินชั้นที่ 1 ที่จุดขึง A และ C คือ 6 m

มุมเทของดินชั้นที่ 1 คือ 0 องศา

-แบบจำลองที่ 2 ชั้นดิน 2 ชั้นเรียบ เอียง



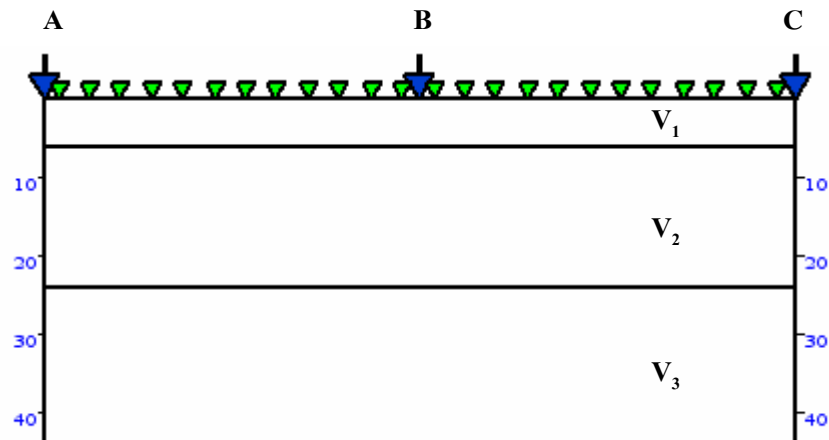
รายละเอียดตัวแปรต่างๆ

ความเร็วคลื่นของดินชั้นที่ 1 และ 2 คือ 912 และ 2,640 m/s ตามลำดับ

ความลึกของดินชั้นที่ 1 ที่จุดขึง A และ C คือ 9 และ 11.516 m ตามลำดับ

มุมเทของดินชั้นที่ 1 คือ -3 องศา

-แบบจำลองที่ 3 ชั้นดิน 3 ชั้นเรียบ ขนาน



รายละเอียดตัวแปรต่างๆ

ความเร็วคลื่นของดินชั้นที่ 1, 2 และ 3 คือ 800, 1,604 และ 4,500 m/s

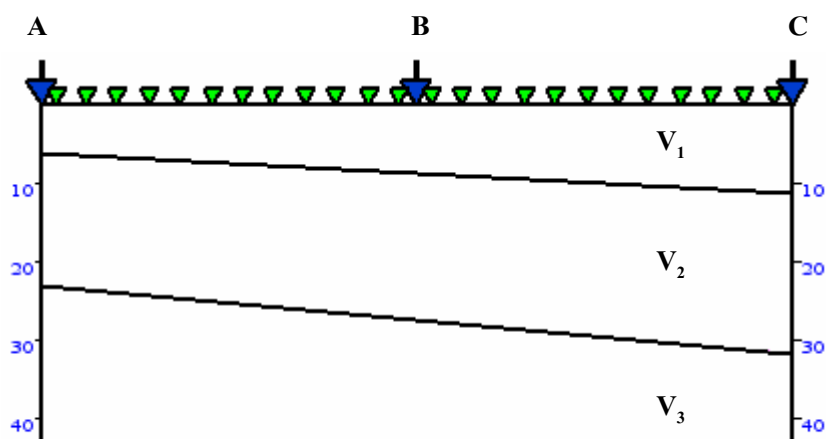
ตามลำดับ

ความลึกของดินชั้นที่ 1 ที่จุดขึง A และ C คือ 6 m

ความลึกของดินชั้นที่ 2 ที่จุดขึง A และ C คือ 24 m

มุมเทของดินชั้นที่ 1 และ 2 คือ 0 องศา

-แบบจำลองที่ 4 ชั้นดิน 3 ชั้นเรียบ เอียงวางตัวแนวเดียวกัน



รายละเอียดตัวแปรต่างๆ

ความเร็วคลื่นของดินชั้นที่ 1, 2 และ 3 คือ 610, 1,904 และ 5,500 m/s

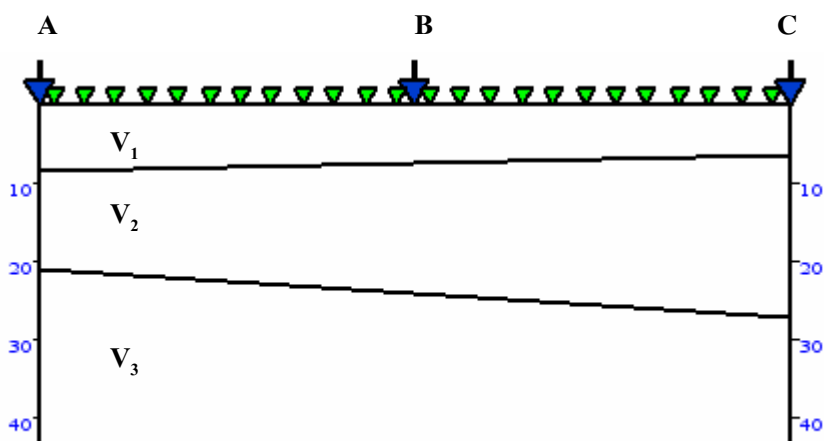
ตามลำดับ

ความลึกของดินชั้นที่ 1 ที่จุดขึง A และ C คือ 6 และ 11.031 m ตามลำดับ

ความลึกของดินชั้นที่ 2 ที่จุดขึง A และ C คือ 23 และ 31.399 m ตามลำดับ

มุมเทของดินชั้นที่ 1 และ 2 คือ -3 และ -5 องศา ตามลำดับ

-แบบจำลองที่ 5 ชั้นดิน 3 ชั้นเอียงวางตัวไม่แนวเดียวกัน



รายละเอียดตัวแปรต่างๆ

ความเร็วคลื่นของดินชั้นที่ 1, 2 และ 3 คือ 810, 1,840 และ 4,500 m/s

ตามลำดับ

ความลึกของดินชั้นที่ 1 ที่จุดขึง A และ C คือ 8 และ 6.324 m ตามลำดับ

ความลึกของดินชั้นที่ 2 ที่จุดขึง A และ C คือ 21 และ 27.713 m ตามลำดับ

มุมเทของดินชั้นที่ 1 และ 2 คือ 1 และ -4 องศา ตามลำดับ

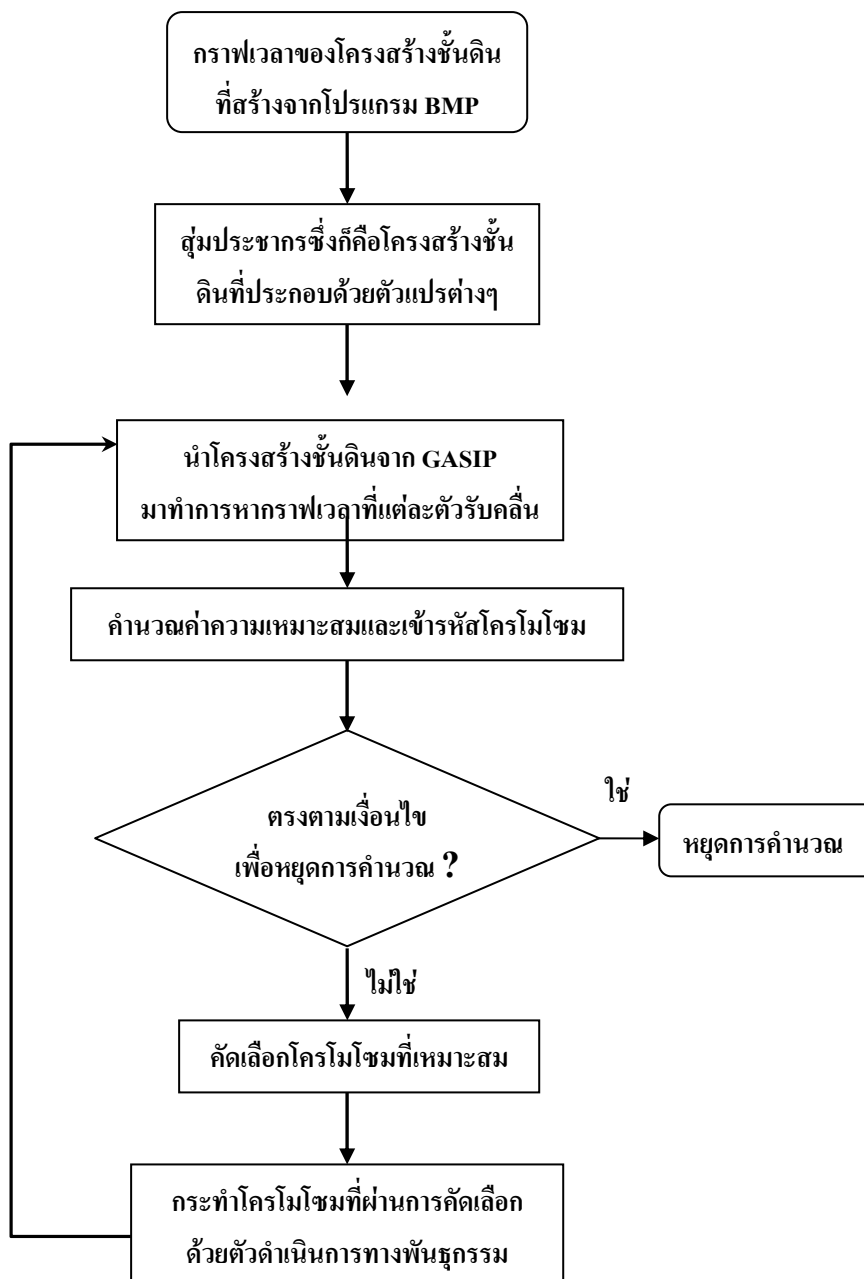
โดยในขั้นตอนของการหาโครงสร้างชั้นดินจากโปรแกรม GASIP นี้จะทำการทดลองโดยการพิจารณาเงื่อนไขที่ดีที่สุดในการคำนวณโดยทดสอบการคำนวณโดยใช้ประชากร 50, 200 และ 500 ตัว ค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีนซึ่งได้ทดสอบที่ 0.01, 0.2 และ 0.8 ซึ่งเป็นตัวแทนของความน่าจะเป็นของการแลกเปลี่ยนยีนที่น้อย ปานกลาง และมากที่สุด ตามลำดับ และพิจารณาค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ซึ่งได้ทดสอบที่ 0.01, 0.1 และ 0.5 ซึ่งเป็นตัวแทน

ของความน่าจะเป็นของการกลายพันธุ์ที่น้อย ปานกลาง และมากที่สุด ตามลำดับ โดยได้เลือกใช้การคัดเลือกแบบ Stochastic Universal Sampling ตลอดจนการทดลอง

กระบวนการอัลกอริทึมของโปรแกรมจะทำงานตามขั้นตอนดังนี้ และดังแสดงได้ดังในภาพประกอบที่ 4.1

1. สร้างกลุ่มประชากรซึ่งก็คือโครงสร้างชั้นดินที่ประกอบไปด้วยตัวแปรได้แก่ จำนวนชั้นดิน, ความเร็ว, ความลึก, มุมเอียง ของชั้นดิน โดยการสุ่ม
2. กำหนดหาเวลาที่คลื่นแรก (First Break) เดินทางมาถึง ณ แต่ละตัวรับคลื่นของแต่ละโครงสร้างชั้นดินหรือแต่ละประชากรนำมาพล็อตเป็นกราฟระหว่างเวลาที่แต่ละตัวรับคลื่น
3. นำกราฟเวลาที่ได้จากขั้นตอนที่ 2 ของแต่ละกลุ่มประชากร มาทำการคำนวณค่าวัตถุประสงค์โดยการเปรียบเทียบกับกราฟเวลาที่ได้จากโครงสร้างชั้นดินซึ่งจำลองจากโปรแกรม BMP ชั้นดินของประชากรใดมีกราฟเวลาที่ใกล้เคียงกับเวลาที่ได้จากโครงสร้างชั้นดินซึ่งจำลองจากโปรแกรม BMP มาก แสดงว่าประชากรนั้นมีค่าวัตถุประสงค์มาก จึงมีโอกาที่จะผ่านเข้าสู่รุ่น (Generation) ถัดไปสูง
4. ตรวจสอบว่าครบตามจำนวนรอบที่คำนวณหรือค่ารากที่สองของความผิดพลาดน้อยกว่าที่ต้องการหรือไม่ หากใช่ก็ให้หยุดการคำนวณแต่หากไม่ใช่ให้คำนวณต่อไป
5. คัดเลือกประชากรที่เหมาะสมเพื่อให้สืบทอดเป็นประชากรรุ่นถัดไป
6. นำโครโมโซม (ตัวแปร) ของแต่ละประชากร (โครงสร้างชั้นดิน) ที่ถูกเลือกมากระทำด้วยกระทำด้วยตัวดำเนินการทางพันธุกรรมซึ่งใช้ค่าพารามิเตอร์ตามที่กำหนด โดยโครโมโซมที่ได้จะเป็นโครโมโซมพ่อแม่ในรุ่นต่อไป
7. ทำการคำนวณตามขั้นตอนที่ 2 ถึง 6 จนครบตามจำนวนรอบของการคำนวณที่กำหนดไว้





ภาพประกอบที่ 4.1 แผนภาพแสดงขั้นตอนการหาโครงสร้างชั้นดินที่จำลองขึ้น โดยกระบวนการของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์

#### 4.7 ออกภาคสนามเพื่อหาข้อมูลโครงสร้างของชั้นดินจริงและนำข้อมูลที่ออกภาคสนามมาทดสอบกับโปรแกรม GASIP

ในการออกภาคสนามได้ทำการออกภาคสนามบริเวณหลังสนามฟุตบอล (สนามบน) หน้าคณะศิลปกรรมศาสตร์ และริมอ่างเก็บน้ำมหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ โดยสำหรับหลังสนามฟุตบอลได้ทำการสำรวจ 2 แนวสำรวจ ขนานกันห่างกัน 5 เมตร ดังภาพประกอบที่ 4.1 ใช้จีโอโฟน 12 ตัว ใช้จุดกำเนิดคลื่น 3 จุดคือห่างจากจีโอโฟนตัวแรก 1 เมตร ระหว่างจีโอโฟนตัวที่ 6 และ 7 และห่างจีโอโฟนตัวสุดท้าย 1 เมตร และสำหรับบริเวณริมอ่างเก็บน้ำ ได้ทำการสำรวจ 1 แนวสำรวจ ขนานกับอ่างเก็บน้ำมหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ ดังภาพประกอบที่ 4.2 โดยใช้ จีโอโฟน 24 ตัว ใช้จุดกำเนิดคลื่น 5 จุดคือห่างจากจีโอโฟนตัวแรก 37 และ 1 เมตร ระหว่างจีโอโฟนตัวที่ 12 และ 13 และห่างจีโอโฟนตัวสุดท้าย 37 และ 1 เมตร

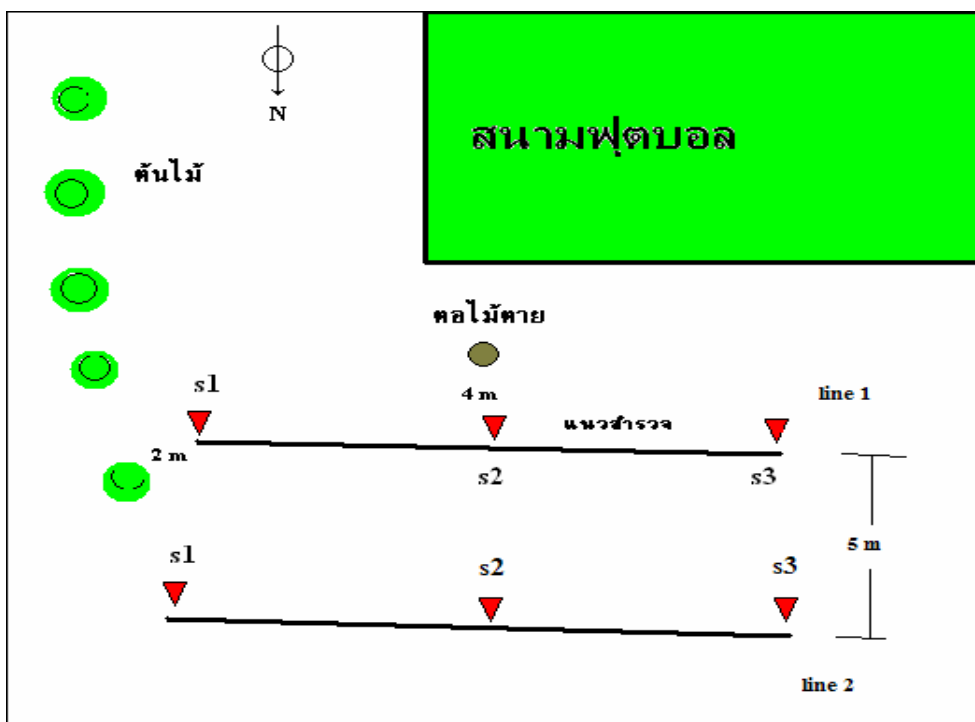
เมื่อได้ทำการเก็บข้อมูลภาคสนามแล้วจึงนำเวลาที่ได้มาทำการทดสอบด้วยโปรแกรม GASIP ให้แปลความออกมาในรูปโครงสร้างของชั้นดิน

#### 4.8 แปลความข้อมูลที่ได้จากภาคสนามด้วยโปรแกรม Seismic Interpretation Program (SIP) และทดสอบโปรแกรม SIP ด้วยแบบจำลองที่สร้างขึ้นจากโปรแกรม BMP

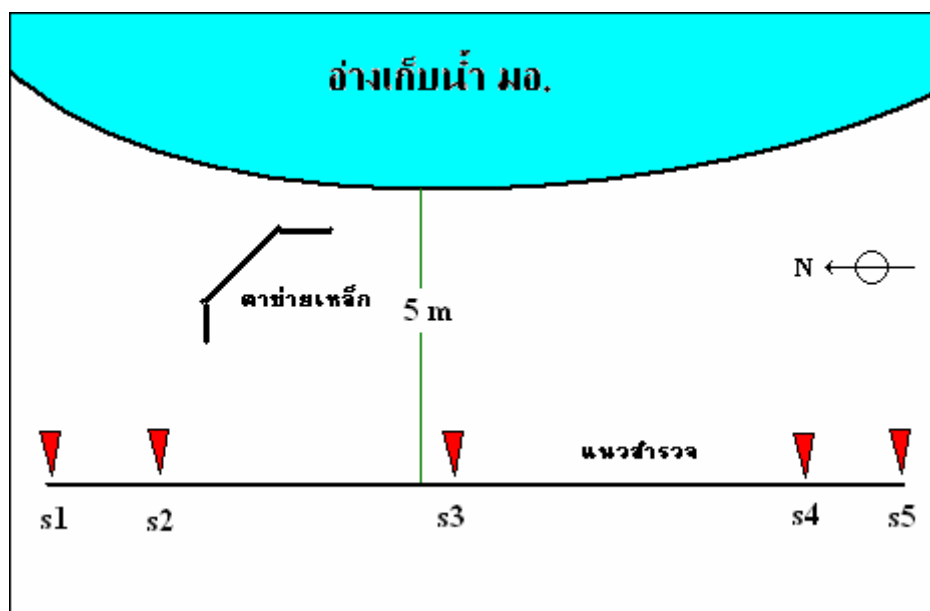
หลังจากทดสอบการแปลความข้อมูลที่ได้จากภาคสนามด้วยโปรแกรม GASIP แล้วจึงนำข้อมูลเวลาที่ได้มาทำการแปลความด้วยโปรแกรม SIP เพื่อทำการเปรียบเทียบผลที่ได้ หลังจากนั้นจึงทดสอบโปรแกรม SIP ด้วยการให้โปรแกรม SIP ทดลองแปลความข้อมูลที่ได้จากแบบจำลองที่สร้างขึ้นโดยโปรแกรม BMP

#### 4.9 ตัวอย่างขั้นตอนการหาโครงสร้างชั้นดินโดยใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์

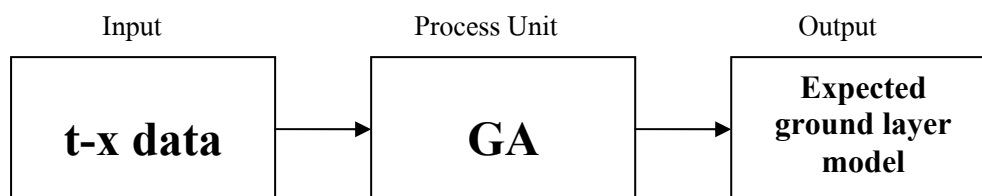
ในที่นี้จะยกตัวอย่างขั้นตอนการหาโครงสร้างชั้นดินโดยใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ เพื่อแสดงให้เห็นภาพและเข้าใจง่ายขึ้น โดยเมื่อได้กราฟเวลา (t-x graph) จากโครงสร้างชั้นดินที่ไปทำการสำรวจหรือจำลองขึ้นเอง นำเวลาจากกราฟมาใส่ในโปรแกรมซึ่งเขียนขึ้นโดยใช้ระเบียบวิธีอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ (GASIP) (รายละเอียดการนำข้อมูลใส่เข้าดูได้จาก ภาคผนวก ซึ่งเป็นวิธีการใช้โปรแกรม) โดยภาพประกอบที่ 4.4 ถึง 4.10 แสดงกระบวนการทำงานของโปรแกรม (GASIP)



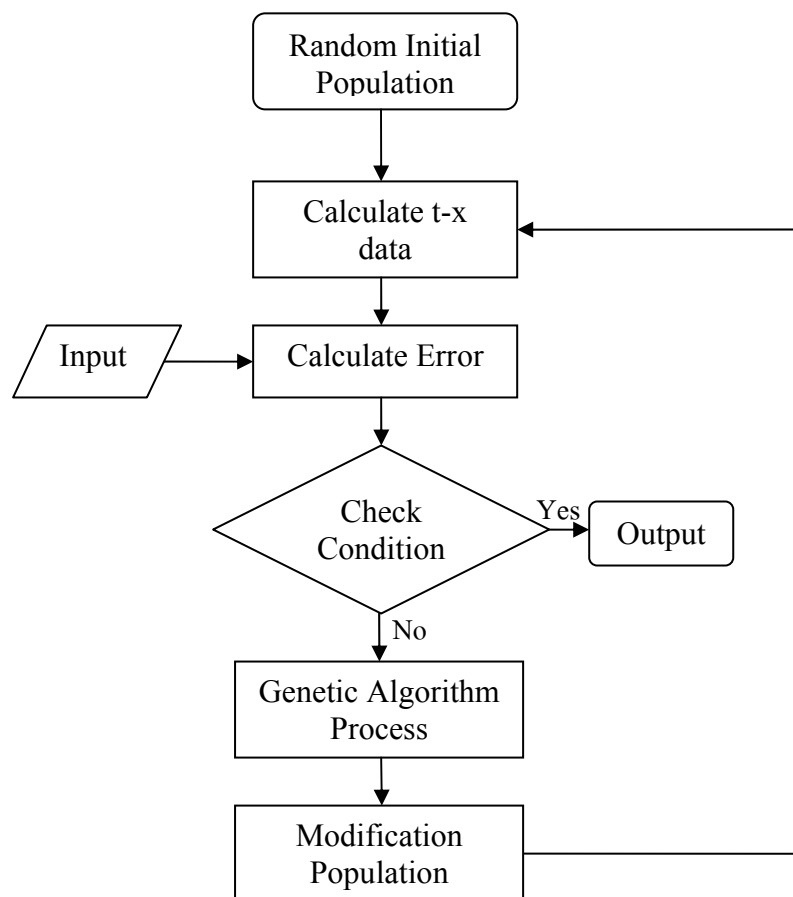
ภาพประกอบที่ 4.2 แสดงแนวสำรวจ 2 แนวสำรวจ บริเวณหลังสนามฟุตบอล มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่



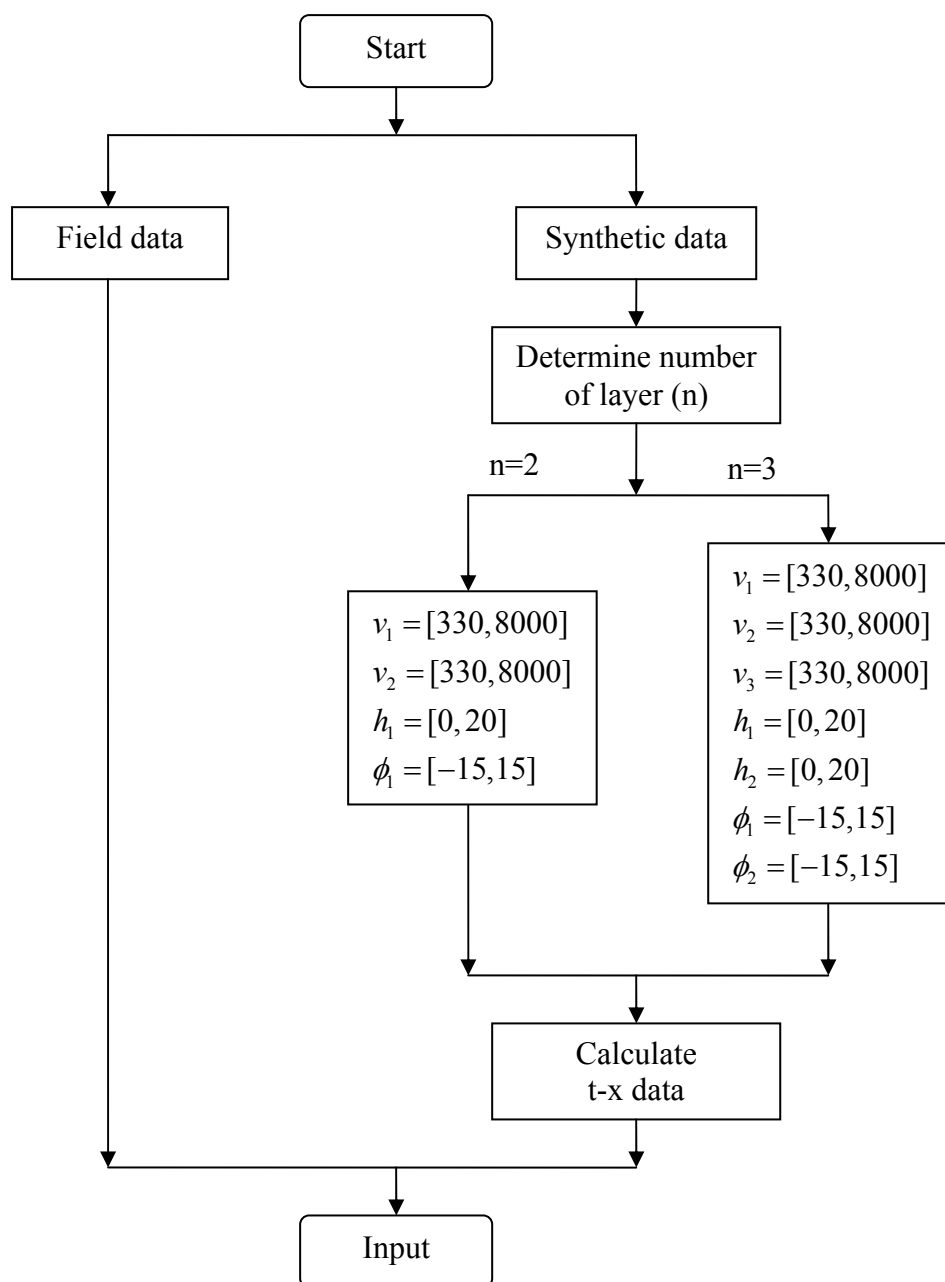
ภาพประกอบที่ 4.3 แสดงแนวสำรวจ 1 แนวสำรวจ บริเวณริมอ่างเก็บน้ำ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตหาดใหญ่



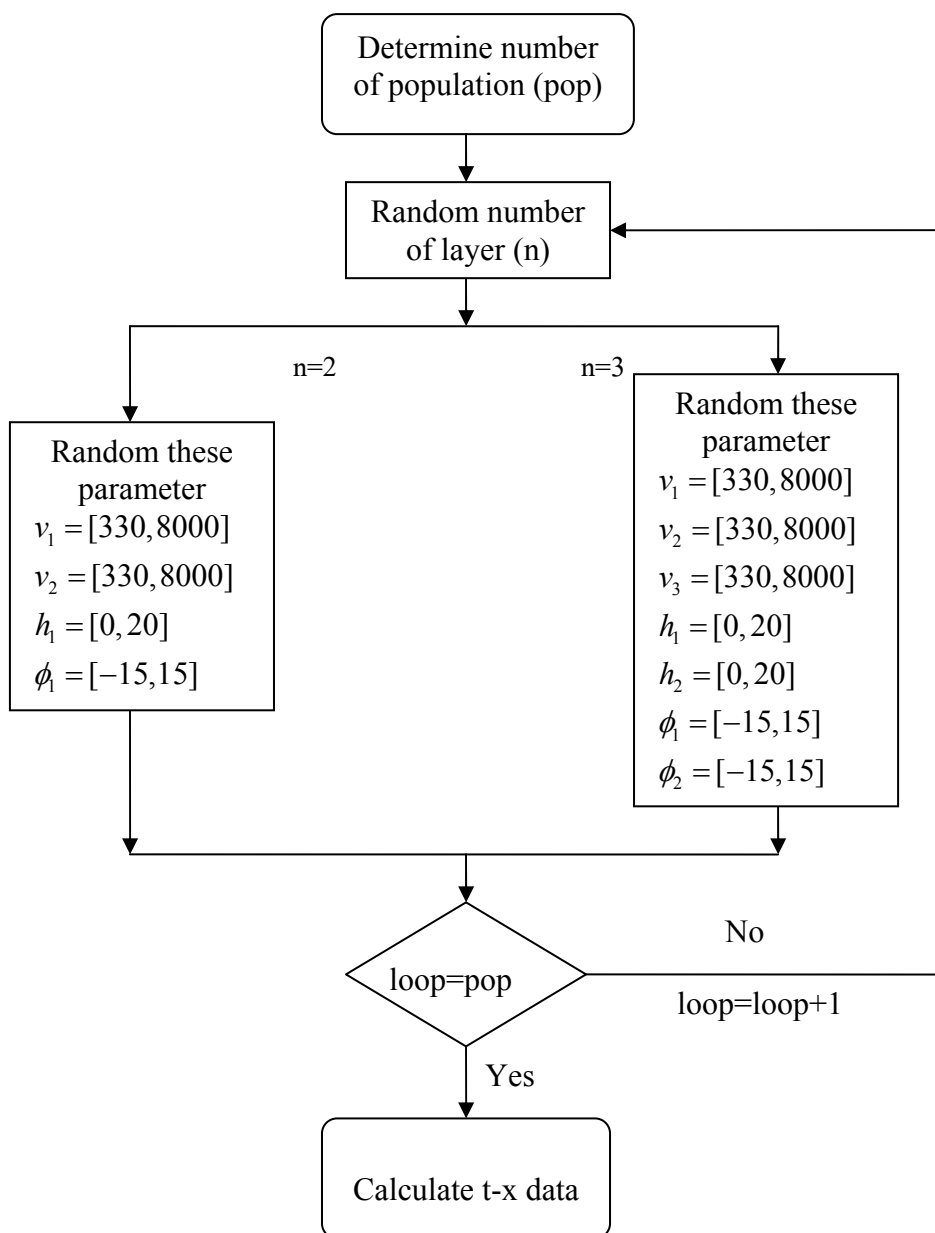
ภาพประกอบที่ 4.4 การนำข้อมูลเข้าเพื่อแปลความโดยใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์



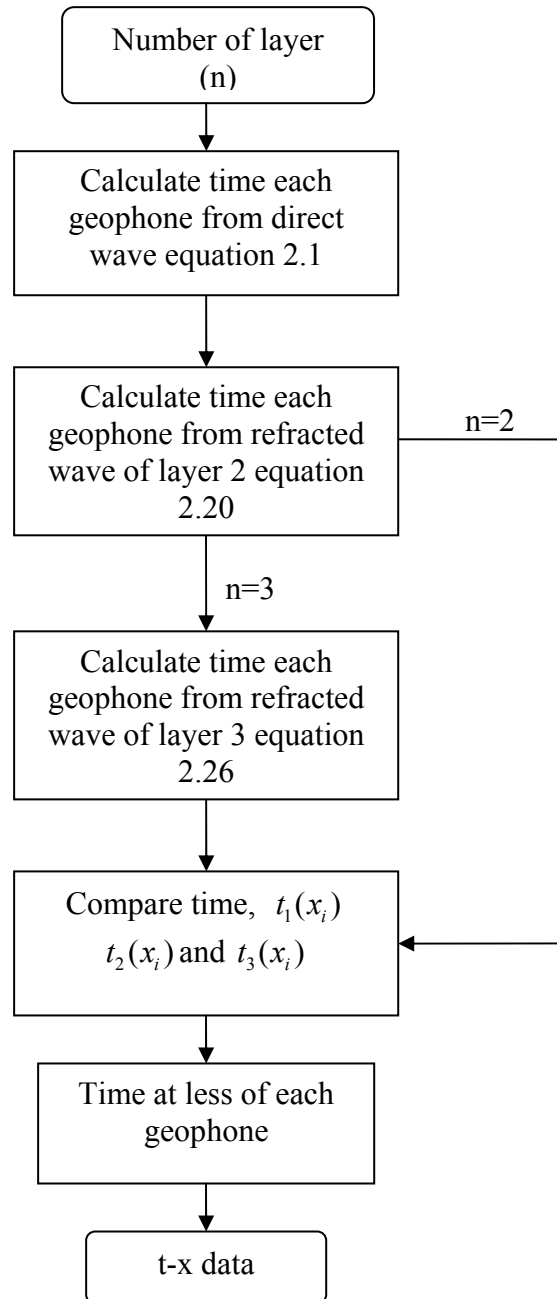
ภาพประกอบที่ 4.5 ฟังขั้นตอนการทำงานของการทำงานการแปลความข้อมูลโดยใช้  
อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์



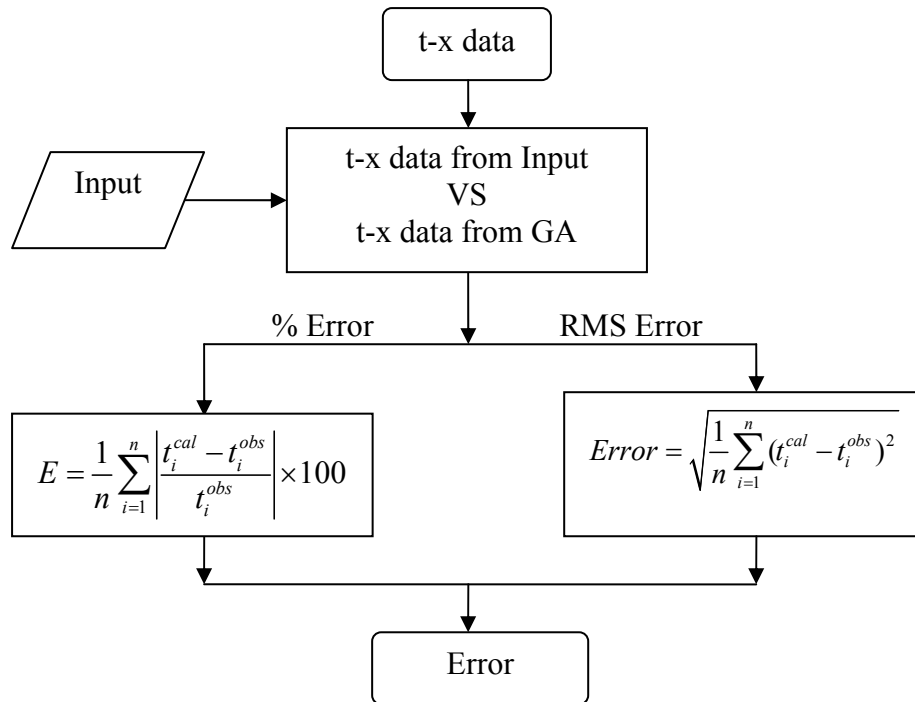
ภาพประกอบที่ 4.6 ผังขั้นตอนการทำงานของส่วน Input ดูรายละเอียดเพิ่มเติมในกรณีสมมติ 1



ภาพประกอบที่ 4.7 ฟังขั้นตอนการทำงานของส่วน Random Initial Population  
ดูรายละเอียดเพิ่มเติมในกรณีสมมติ 2

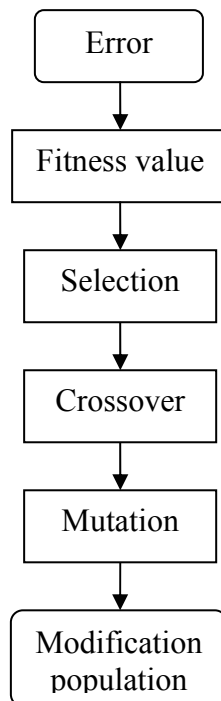


ภาพประกอบที่ 4.8 ฟังก์ชันตอนการทำงานของส่วน Calculate t-x data  
 คูรายละเอียดเพิ่มเติมในกรณีสมมติ 3



ภาพประกอบที่ 4.9 ผังขั้นตอนการทำงานของส่วน Calculate Error

ดูรายละเอียดเพิ่มเติมในกรณีสมมติ 4



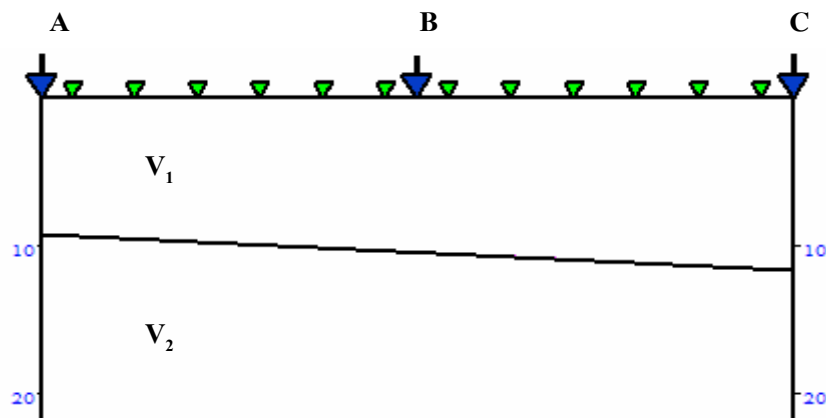
ภาพประกอบที่ 4.10 ผังขั้นตอนการทำงานของส่วน Genetic Algorithm Process

ดูรายละเอียดเพิ่มเติมในกรณีสมมติ 5-8



### กรณีสมมติ 1 เวลาและ t-x graph ของโครงสร้างชั้นดินที่ต้องการหา

ในที่นี้ได้้นำแบบจำลองชั้นดินแบบที่ 2 คือ ชั้นดิน 2 ชั้นเรียบ เอียงมาแสดงเป็นตัวอย่างในการหาโครงสร้าง โดยมีรายละเอียดของชั้นดินดังแสดงไว้เบื้องล่าง จะทำการวัดโดยกำหนดจุดกำเนิดคลื่น 3 จุด คือ A, B และ C ตามลำดับ ใช้ตัวรับคลื่น 12 ตัว วางห่างกันตัวละ 4 เมตร



รายละเอียดตัวแปรต่างๆ ของโครงสร้างชั้นดิน

ความเร็วคลื่นของดินชั้นที่ 1 และ 2 คือ 912 และ 2,640 m/s ตามลำดับ

ความลึกของดินชั้นที่ 1 ที่จุดยิง A และ C คือ 9 และ 11.516 m ตามลำดับ

มุมเทของดินชั้นที่ 1 คือ -3 องศา

กำหนด

จุดกำเนิดคลื่น A ห่างจาก ตัวรับคลื่นตัวที่ 1 2 เมตร

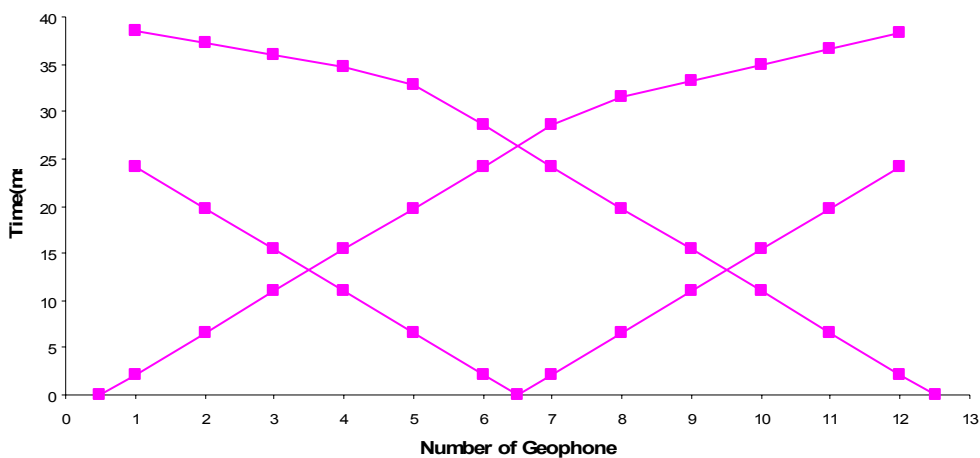
จุดกำเนิดคลื่น B ห่างจาก ตัวรับคลื่นตัวที่ 6 2 เมตร

จุดกำเนิดคลื่น C ห่างจาก ตัวรับคลื่นตัวที่ 12 2 เมตร

ตารางที่ 4.1 เวลาที่ Geophone แต่ละตัวบันทึกได้ จากการทดสอบหาโครงสร้างชั้นดินจากแบบจำลอง

Number of Geophone	เวลาที่บันทึกได้จากแบบจำลอง (ms)		
	Shot A	Shot B	Shot C
1	2.1930	24.1228	38.5894
2	6.5789	19.7368	37.2917
3	10.9649	15.3509	35.9941
4	15.3509	10.9649	34.6964
5	19.7368	6.5789	32.8947
6	24.1228	2.1930	28.5088
7	28.5088	2.1930	24.1228
8	31.4600	6.5789	19.7368
9	33.1885	10.9649	15.3509
10	34.9170	15.3509	10.9649
11	36.6455	19.7368	6.5789
12	38.3740	24.1228	2.1930

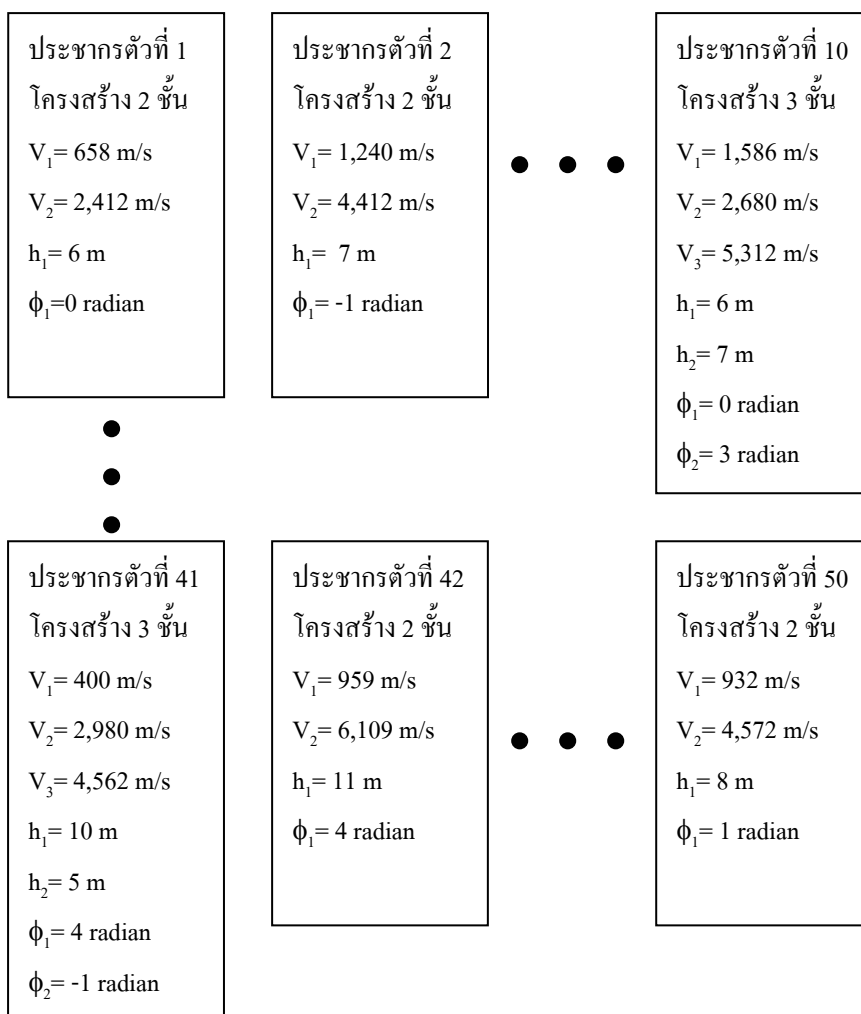
เมื่อนำเวลาที่บันทึกได้ของแต่ละตัวรับคลื่นเข้าสู่โปรแกรม โปรแกรมจะทำการพล็อตกราฟเวลา (t-x Graph) ที่แต่ละตัวรับคลื่นบันทึกได้ จะทำการเรียกกราฟนี้ว่า กราฟอ้างอิง ซึ่งจะเป็นกราฟที่ใช้ในการเปรียบเทียบกับกราฟเวลา(t-x Graph) ที่ได้จากโครงสร้าง (t-x Graph ของแต่ละประชากร) ซึ่งได้มาจากวิธีการอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ เพื่อใช้สำหรับหาค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของแต่ละ โครงสร้าง (ประชากร)



ภาพประกอบที่ 4.11 กราฟเวลา (t-x Graph) ที่แต่ละตัวรับคลื่นบันทึกได้จากการทดสอบหาโครงสร้างชั้นดินจากแบบจำลอง

#### กรณีสมมติ 2 การสุ่มโครงสร้างชั้นดิน (ประชากร) ด้วยเลขฐานสิบ

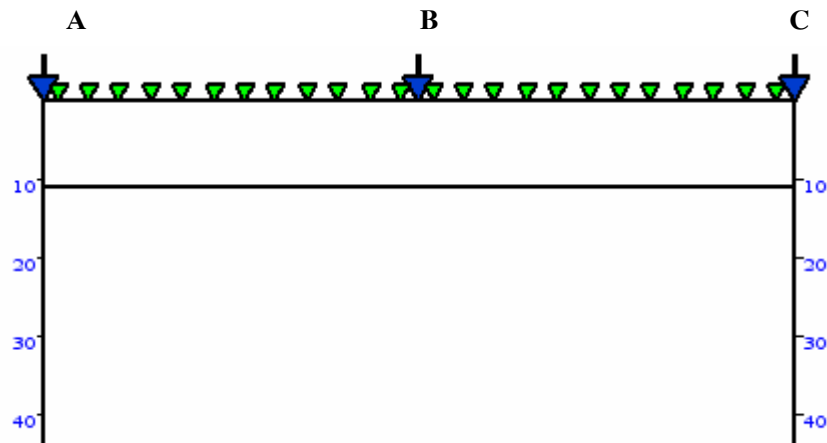
กำหนดประชากร 50 ตัว ตำแหน่งนี้เป็นตำแหน่งเริ่มต้นกระบวนการทำงานของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ โดยจะเริ่มจากการสุ่มประชากรขึ้นมาตามจำนวนที่ได้กำหนด ซึ่งประชากรในที่นี้ก็คือโครงสร้างชั้นดินแต่ละแบบ โดยแต่ละโครงสร้างก็จะมีตัวแปร (Parameter) 4 ชนิด คือ จำนวนชั้น, ความเร็ว, ความลึก และมุมเอียง ซึ่งเป็นคุณสมบัติของแต่ละประชากร หลังจากนั้นจะไปขอพิจารณาประชากรเพียงแค่ 6 ตัวจากทั้งหมด 50 ตัว เพื่อเป็นการง่ายในการนำเสนอ ดังภาพประกอบที่ 4.12



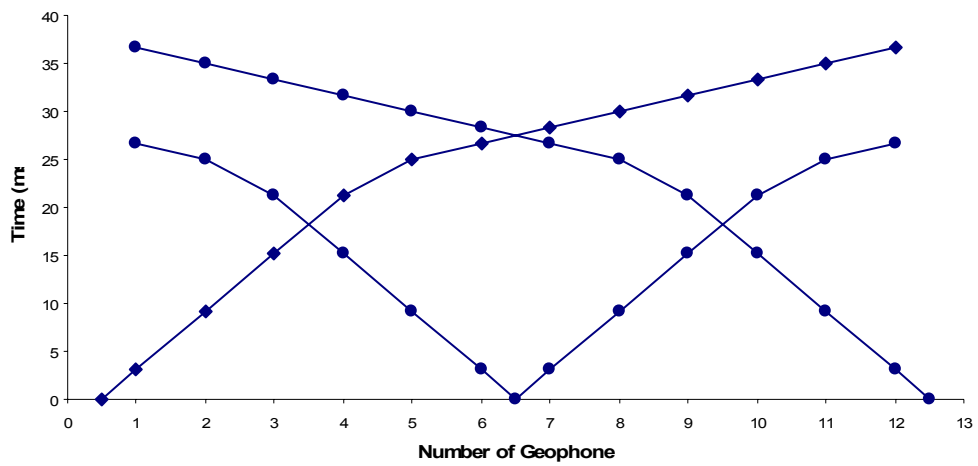
ภาพประกอบที่ 4.12 ตัวอย่างคุณสมบัติของประชากรแต่ละตัวที่ถูกสุ่มขึ้นมาได้

หมายเหตุ สำหรับความเร็วชั้นดิน กรณีที่สุ่มความเร็วแต่ละชั้นมาได้ไม่เรียง จำเป็นต้องเรียงความเร็วจากน้อยไปมากเสมอ

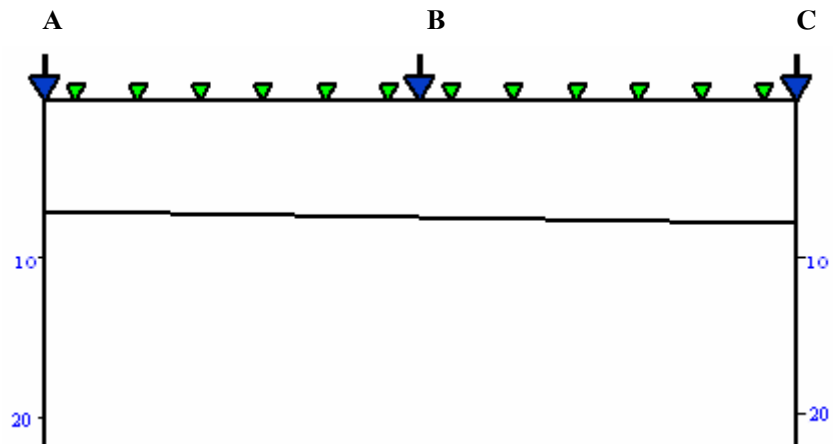
กรณีสมมติ 3 นำโครงสร้างชั้นดินของแต่ละประชากรจากกรณีสมมติ 2 มาคำนวณหา (t-x Graph) ในที่นี้แสดงตัวอย่างแค่ 3 ตัว



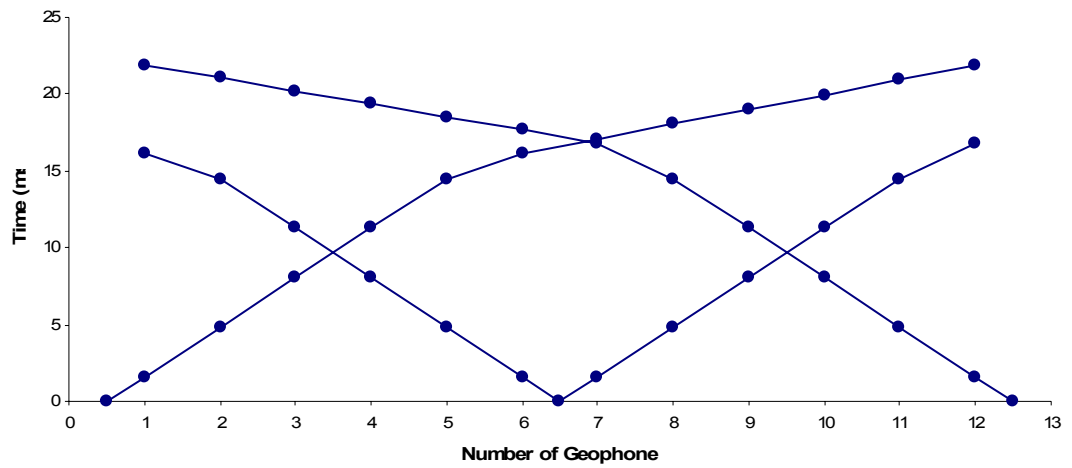
ภาพประกอบที่ 4.13 โครงสร้างชั้นดินของประชากรตัวที่ 1



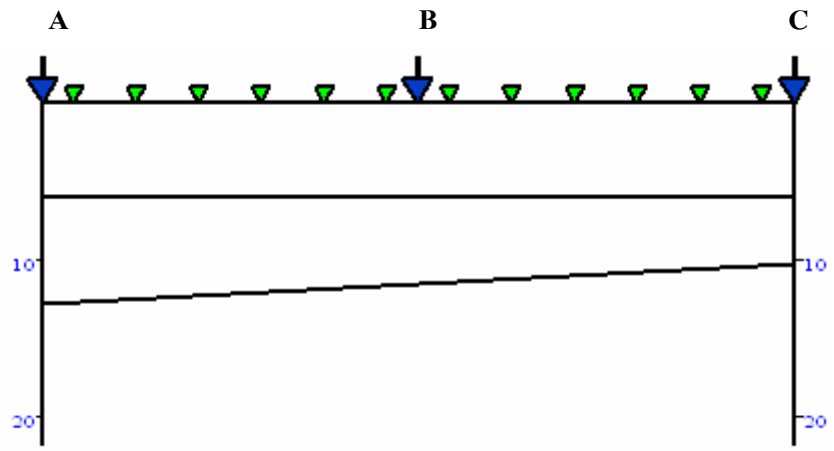
ภาพประกอบที่ 4.14 t-x Graph ของประชากรตัวที่ 1



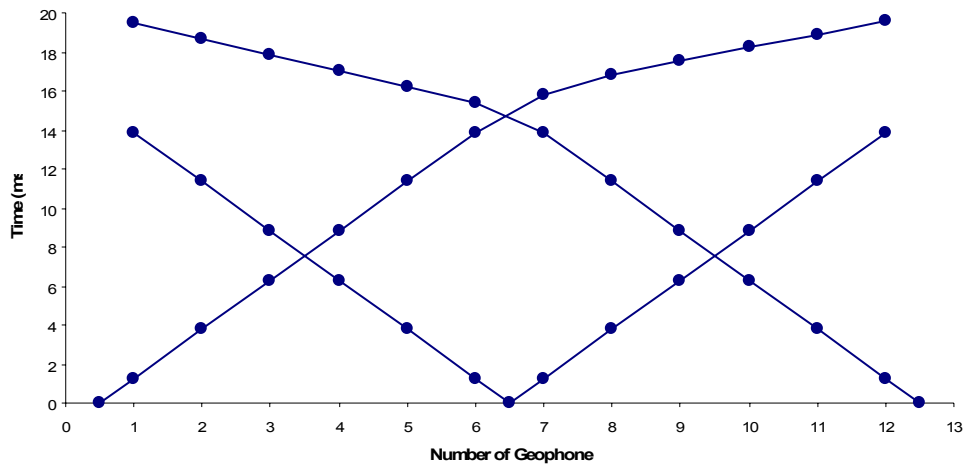
ภาพประกอบที่ 4.15 โครงสร้างชั้นดินของประชากรตัวที่ 2



ภาพประกอบที่ 4.16 t-x Graph ของประชากรที่ 2



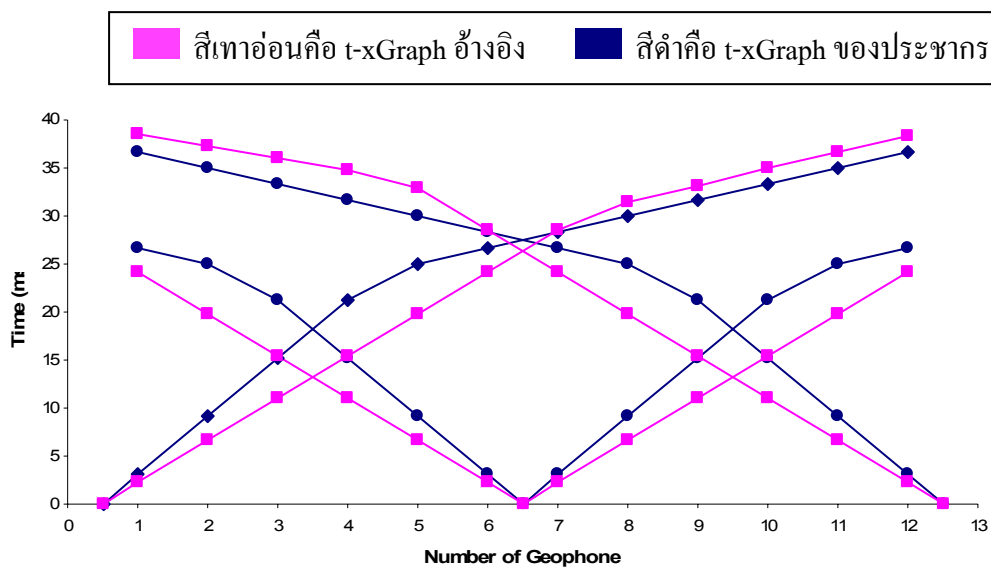
ภาพประกอบที่ 4.17 โครงสร้างชั้นดินของประชากรตัวที่ 3



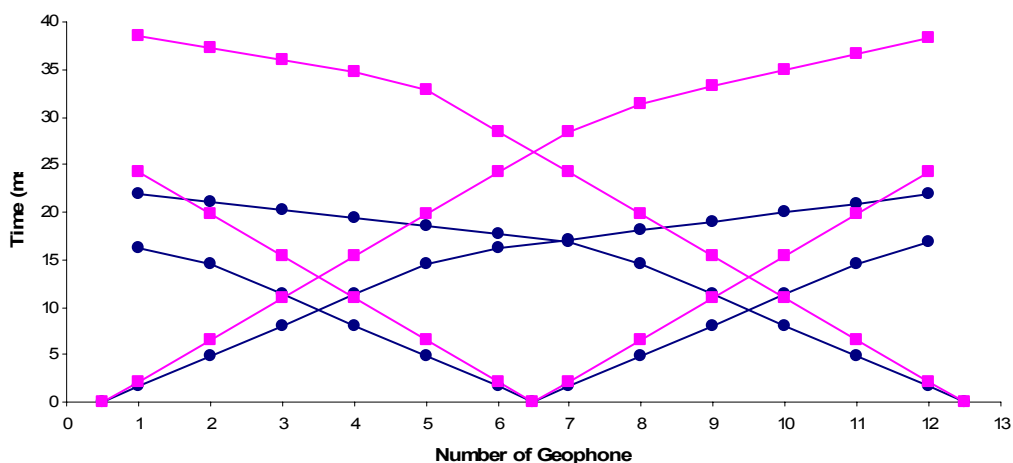
ภาพประกอบที่ 4.18 t-x Graph ของประชากรตัวที่ 3

กรณีสมมติ 4 เปรียบเทียบ t-x Graph อ้างอิง กับ t-x Graph ของแต่ละประชากร และหาค่า

RMS Error

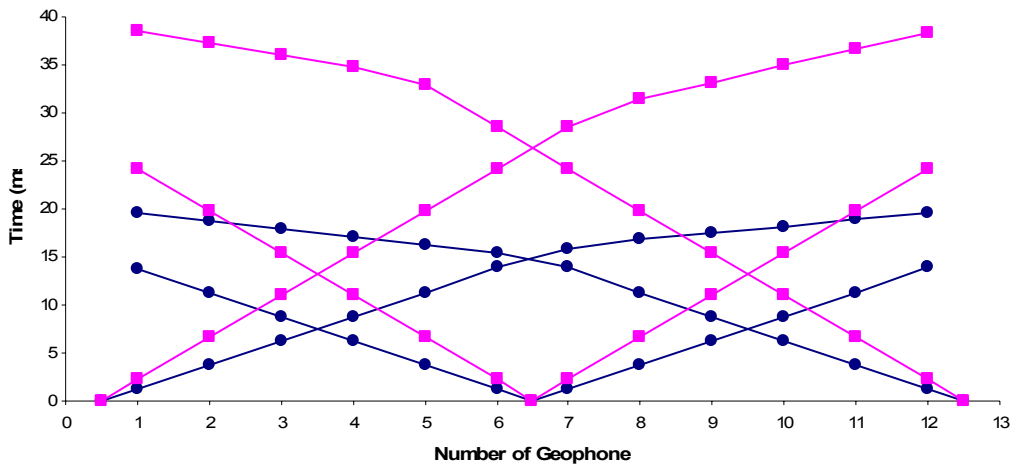


ภาพประกอบที่ 4.19 เปรียบเทียบ t-x Graph อ้างอิง กับ t-x Graph ของประชากรตัวที่ 1  
ซึ่งมีค่า RMS Error เท่ากับ 5.9540

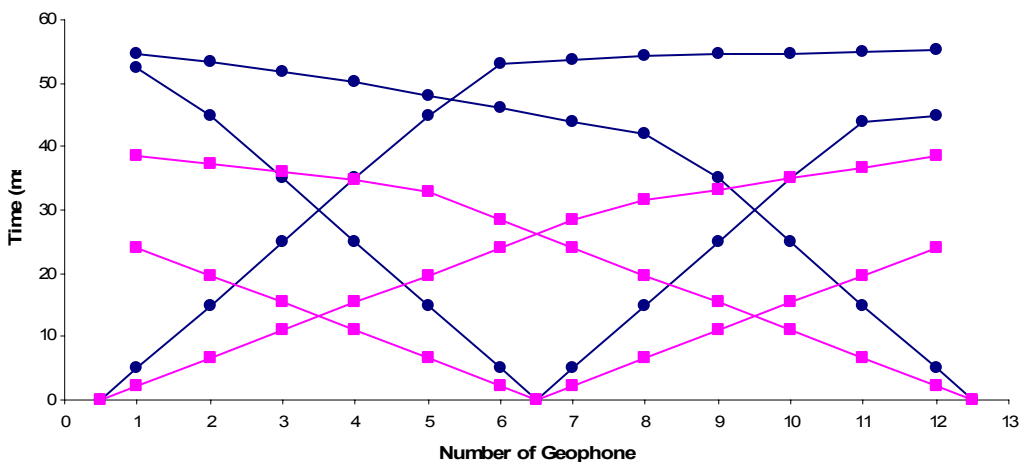


ภาพประกอบที่ 4.20 เปรียบเทียบ t-x Graph อ้างอิง กับ t-x Graph ของประชากรตัวที่ 2  
ซึ่งมีค่า RMS Error เท่ากับ 15.9681





ภาพประกอบที่ 4.21 เปรียบเทียบ t-x Graph อ้างอิง กับ t-x Graph ของประชากรตัวที่ 10 ซึ่งมีค่า RMS Error เท่ากับ 19.0517



ภาพประกอบที่ 4.22 เปรียบเทียบ t-x Graph อ้างอิง กับ t-x Graph ของประชากรตัวที่ 41 ซึ่งมีค่า RMS Error เท่ากับ 31.1126

กรณีสมมติ 5 คำนวณหาค่าความเหมาะสมของประชากรแต่ละตัวจากค่า RMS Error

ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนการคำนวณค่าความเหมาะสมของประชากรแต่ละตัว เพื่อที่จะนำไปสู่กระบวนการคัดเลือก (Selection) ต่อไป ค่าความเหมาะสมก็คือค่าที่บอกว่า ประชากรตัวนี้มีค่าความน่าจะเป็นในการที่จะถูกเลือกเข้าไปสู่กระบวนการแลกเปลี่ยนยีน (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation) เพียงใด โดยการคำนวณค่าความเหมาะสมนี้จะใช้ สูตร คือ  $Fitness = 1/(1 + Error)$

โดยการกำหนดให้ค่าความเหมาะสมของประชากรทุกตัวรวมกันเท่ากับ 1 และประชากรตัวใดที่มีค่า RMSE น้อย เมื่อแปลงมาเป็นค่าความเหมาะสมจะมีค่าความเหมาะสมมาก และประชากรที่มีค่า RMSE มากเมื่อแปลงมาเป็นค่าความเหมาะสมก็จะมีค่าความเหมาะสมน้อย ประชากรตัวที่มีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสถูกเลือกเข้าไปสู่กระบวนการแลกเปลี่ยนยีนและการกลายพันธุ์ ต่อไปมาก โดยจะทำการเก็บประชากรตัวที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุด 2 ตัวไว้ในแต่ละรอบการคำนวณเสมอ โดย 2 ตัวที่กล่าวถึงนี้จะผ่านเข้าไปสู่รุ่นถัดไป (Next Generation) โดยอัตโนมัติ ไม่ต้องถูกนำมาผ่านกระบวนการคัดเลือก แลกเปลี่ยนยีน และการกลายพันธุ์อีก เหตุที่ต้องเก็บประชากรไว้ 2 ตัวเนื่องจากประชากรที่นำมาทำการคำนวณมีจำนวนเป็นจำนวนคู่ ดังนั้นหากเก็บประชากรไว้เพียงตัวเดียวประชากรที่เหลือก็จะเหลือเป็นจำนวนคี่ทำให้เวลานำมาจับคู่ทำการแลกเปลี่ยนยีนจะจับคู่ได้ไม่ลงตัว

จากตัวอย่างประชากรข้างต้น เมื่อนำแต่ละตัวมาทำการหาค่าความเหมาะสมจะได้ดังนี้

ประชากรตัวที่ 1 มีค่า RMS Error เท่ากับ 5.9540 ซึ่งจะมีค่าความเหมาะสม 0.1438

ประชากรตัวที่ 2 มีค่า RMS Error เท่ากับ 15.9681ซึ่งจะมีค่าความเหมาะสม 0.0589

.

.

.

ประชากรตัวที่ 10 มีค่า RMS Error เท่ากับ 19.0517ซึ่งจะมีค่าความเหมาะสม 0.0498

.

.

.

ประชากรตัวที่ 41 มีค่า RMS Error เท่ากับ 31.1126ซึ่งจะมีค่าความเหมาะสม 0.0311

ประชากรตัวที่ 42 มีค่า RMS Error เท่ากับ 9.7113 ซึ่งจะมีค่าความเหมาะสม 0.0933

.

.

.

ประชากรตัวที่ 50 มีค่า RMS Error เท่ากับ 12.2830 ซึ่งจะมีค่าความเหมาะสม 0.0753

จะเห็นว่าตัวอย่างประชากรดังกล่าวข้างต้น ประชากรตัวที่ 1 และ ตัวที่ 42 มีความเหมาะสมสูงสุดและรองลงมาตามลำดับ จึงพิจารณาให้เข้าสู่รุ่นถัดไปได้โดยไม่ต้องผ่านขั้นตอนต่อไป

#### กรณีสมมติ 6 การเข้ารหัสประชากรแต่ละตัว

เนื่องจากประชากรที่นำมาทำการคำนวณในเบื้องต้นประกอบด้วยตัวแปรต่างๆ ซึ่งเป็นเลขฐานสิบจึงจำเป็นต้องนำมาทำการเข้ารหัสตัวแปรต่างๆ เหล่านี้เป็นเลขฐานสอง ซึ่งเรียกว่า โครโมโซม เพื่อที่จะนำโครโมโซมเหล่านี้เข้าสู่กระบวนการแลกเปลี่ยนยีนและการกลายพันธุ์ต่อไป โดยประชากรที่ถูกลำตัวแปรต่างๆ มาเข้ารหัสได้แก่ประชากรทั้ง 48 ตัวที่เหลือ ดังตัวอย่าง

ประชากรตัวที่ 2
โครงสร้าง 2 ชั้น
V1=1,240 m/s
V2=4,412 m/s
H1=7 m
Phi1= -1 radian

เมื่อนำมาเข้ารหัส ตัวแปรแต่ละตัวจะได้ดังนี้

$$V1 = 0010011011000 \quad V2 = 1000100111100$$

$$H1 = 00111 \quad \text{Phi1} = 01110$$

การเข้ารหัสของมุมเอียงเนื่องจากมุมเอียงที่กำหนดให้เอียงได้สูงสุดคืออยู่ในช่วง -15 ถึง 15 องศา จึงจำเป็นต้องนำค่ามุมเอียงมาบวกด้วย 15 ก่อนเพื่อเปลี่ยนให้เป็นจำนวนเต็มบวก ซึ่งง่ายต่อการแปลงเป็นเลขฐานสอง ดังนั้น -1 จึงแปลงเป็น 14

ประชากรตัวที่ 10
โครงสร้าง 3 ชั้น
V1=1,586 m/s
V2=2,680 m/s
V3=5,312 m/s
H1=6 m
H2=7 m
Phi1=0 radian
Phi1=3 radian

เมื่อนำมาเข้ารหัส ตัวแปรแต่ละตัวจะได้ดังนี้

$$V1 = 0011000110010 \quad V2 = 0101001111000$$

$$V3 = 1010011000000$$

$$H1 = 00110 \quad H2 = 00111$$

$$\text{Phi1} = 01111 \quad \text{Phi2} = 10010$$

(Phi1 = 0 แปลงเป็น 0+15=15 ; Phi2 = 3 แปลงเป็น 3+15=18)

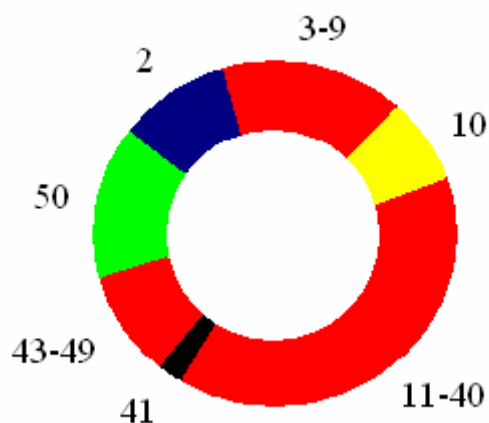
ประชากรตัวที่ 41 โครงสร้าง 3 ชั้น	เมื่อนำมาเข้ารหัส ตัวแปรแต่ละตัวจะได้ดังนี้	
V1=400 m/s	V1 = 0000110010000	V2 = 0101110100100
V2=2,980 m/s	V3 = 1000111010010	
V3=4,562 m/s	H1 = 01010	H2 = 00101
H1=10 m	Phi1 = 10011	Phi2 = 00011
H2=5 m	(Phi1 = 4 แปลงเป็น 4+15=19 ; Phi2 = -1 แปลงเป็น -1+15=14)	
Phi1=4 radian		
Phi1= -1 radian		

ประชากรตัวที่ 50 โครงสร้าง 2 ชั้น	เมื่อนำมาเข้ารหัส ตัวแปรแต่ละตัวจะได้ดังนี้	
V1=932 m/s	V1= 0001110100100	V2= 1000111011100
V1=4,572 m/s	H1= 01000	Phi1 = 10000
H1=8 m	(Phi1 = 1 แปลงเป็น 1+15=16)	
Phi1=1 radian		

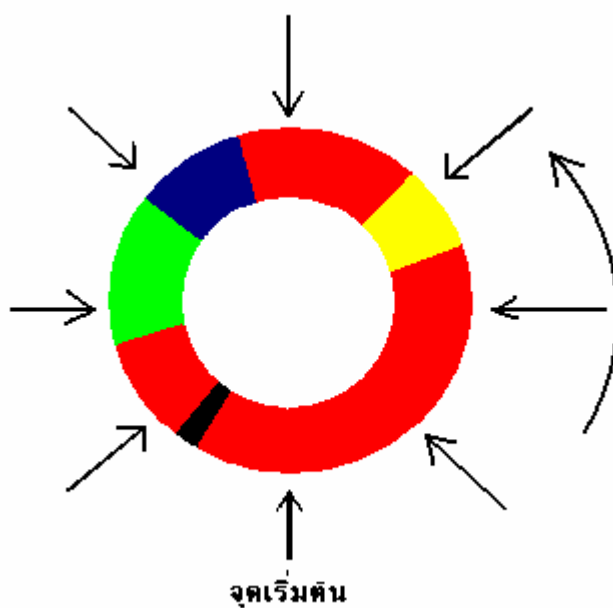
### กรณีสมมติ 7 กระบวนการคัดเลือกประชากรแต่ละตัว (Selection)

หลังจากนั้นจึงนำประชากรที่ได้ทั้ง 48 ตัวมาทำการผ่านกระบวนการคัดเลือกซึ่งในที่นี้จะใช้การคัดเลือกแบบ Stochastic Universal Sampling Selection เนื่องจากเป็นวิธีที่ประชากรตัวที่มีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีโอกาสถูกสุ่มเลือกได้มากกว่าวิธี Roulette Wheel Selection โดยทำการนำค่าความเหมาะสมของแต่ละประชากรมาทำการแบ่งใส่ในพื้นที่วงล้อ ประชากรใดมีค่าความเหมาะสมมากก็จะมีพื้นที่ในวงล้อมากโอกาสถูกเลือกก็จะมีมาก ในทางกลับกันประชากรใดมีค่าความเหมาะสมน้อยก็จะมีพื้นที่ในวงลือน้อยโอกาสถูกเลือกก็จะมีน้อย ดังภาพประกอบที่ 4.23

เมื่อได้วงล้อคัดเลือกแล้วหลังจากนั้นก็ทำการสุ่มค่าเริ่มต้นบนวงล้อเพื่อเป็นจุดเริ่มต้นในกระบวนการคัดเลือก แล้วจึงสุ่มมุมองที่อีกมุมหนึ่งเพื่อที่จะนำมาบวกกับค่ามุมเริ่มต้นเพื่อที่จะเป็นมุมชี้สำหรับประชากรที่จะถูกเลือกเข้าไปสู่ขั้นตอนถัดไป โดยใช้ลูกศรในการชี้ตำแหน่งดังแสดงดังภาพประกอบที่ 4.24



ภาพประกอบที่ 4.23 ค่าความเหมาะสมของแต่ละประชากรบนวงล้อคัดเลือก ตัวเลขแทนประชากรแต่ละตัว ในที่นี้จะเห็นว่าประชากรตัวที่ 1 และ 42 ไม่นำมาอยู่บนวงล้อเนื่องจากทั้ง 2 ตัวได้ถูกนำผ่านเข้าไปสู่การคำนวณรุ่นถัดไปแล้ว



ภาพประกอบที่ 4.24 ประชากรที่ถูกสุ่มได้จากการหมุนวงล้อด้วยมุมคงที่ (ตามตำแหน่งของลูกศรชี้) จะเห็นว่าหากประชากรตัวใดมีพื้นที่ในวงล้อใหญ่ก็จะมีโอกาสมากที่จะถูกเลือก

### กรณีสมมติ 8 กระบวนการแลกเปลี่ยนยีน (Crossover) และกลายพันธุ์ (Mutation)

ประชากรที่ได้ถูกคัดเลือกมาจากกระบวนการคัดเลือกจะถูกจับคู่เพื่อทำการแลกเปลี่ยนยีน (ซึ่งก็คือการแลกเปลี่ยนบิตของเลขฐานสอง) ซึ่งจะให้กำเนิดประชากรรุ่นใหม่ที่มีอาจจะมีค่าความเหมาะสมสูงกว่าประชากรรุ่นเดิม โดยการแลกเปลี่ยนยีนจะทำการสุ่มจุดสำหรับการแลกเปลี่ยนขึ้นมา ดังตัวอย่าง

ตัวอย่าง สมมติประชากรที่ 2 กับ 50 ถูกเลือกให้จับคู่กัน

โครโมโซมของประชากรที่ 2	
V1= 0010011011000	V2= 1000100111100
H1= 00111	Phi1 = 01110

โครโมโซมของประชากรที่ 50	
V1= 0001110100100	V2= 1000111011100
H1= 01000	Phi1 = 10000

V1 ของประชากรที่ 2 จะจับคู่กับ V1 ของประชากรที่ 50 สมมติสุ่มจุดแลกเปลี่ยนยีนได้

จุดที่ 5

V1(2) = 00100	11011000	V1(New1) = 00100	10100100
V1(50) = 00011	10100100	V1(New2) = 00011	11011000
จุดแลกเปลี่ยนยีน		จุดแลกเปลี่ยนยีน	

V2 ของประชากรที่ 2 จะจับคู่กับ V2 ของประชากรที่ 50 สมมติสุ่มจุดแลกเปลี่ยนยีนได้

จุดที่ 7

V2(2) = 1000100	111100	V2(New1) = 1000100	011100
V2(50) = 1000111	011100	V2(New2) = 1000111	111100
จุดแลกเปลี่ยนยีน		จุดแลกเปลี่ยนยีน	

H1 ของประชากรที่ 2 จะจับคู่กับ H1 ของประชากรที่ 50 สมมติผู้มจุดแลกเปลี่ยนได้

จุดที่ 3

H1(2) = 001	11	H1(New1) = 001	00
H1(50) = 010	00	H1(New2) = 010	11
จุดแลกเปลี่ยน		จุดแลกเปลี่ยน	

Phi1 ของประชากรที่ 2 จะจับคู่กับ Phi1 ของประชากรที่ 50 สมมติผู้มจุดแลกเปลี่ยน

ได้จุดที่ 3

Phi1(2) = 011	10	Phi(New1) = 011	00
Phi1 (50) = 100	00	Phi(New2) = 100	10
จุดแลกเปลี่ยน		จุดแลกเปลี่ยน	

เมื่อทำการแลกเปลี่ยนแล้วโครโมโซมของประชากรต่างๆ ก็จะถูกนำเข้าสู่กระบวนการกลายพันธุ์ซึ่งเป็นกระบวนการที่จะทำให้ประชากรบางตัวที่มีค่าความเหมาะสมน้อย กลับมามีค่าความเหมาะสมมากขึ้นช่วยให้ปัญหาสามารถเข้าสู่ผลเฉลยเร็วขึ้น ทั้งนี้เกิดจากโครโมโซมบางตำแหน่งของประชากรมีบิตที่ไม่เหมาะสมในบางบิต เช่น กรณีที่ V1 ที่ต้องการ มีค่า 900 ซึ่งตรงกับเลขฐานสองคือ 0001110000100 แต่ประชากรที่สุ่มมาได้มีค่า 1001110000111 ซึ่งตรงกับเลขฐานสิบคือ 4,999 ซึ่งจะเห็นว่ามิต่างกับ 900 มาก แต่ถ้านำมาเข้ากระบวนการกลายพันธุ์และสามารถกลายพันธุ์ได้ถูกตำแหน่งคือตำแหน่งแรก ค่าที่ได้ของ 1001110000111 ก็จะเป็น 0001110000111 ซึ่งเมื่อเป็นเลขฐานสิบจากค่า 4,999 ก็จะกลายเป็น 903 ซึ่งจะเห็นว่าใกล้เคียงกับคำตอบที่ต้องการคือ 900 มากขึ้น

0001110000100	ซึ่งตรงกับเลขฐานสิบคือ 900
1001110000111	ซึ่งตรงกับเลขฐานสิบคือ 4,999
กลายพันธุ์โดยการกลับบิตแรก จะได้ 0001110000111 ซึ่งตรงกับเลขฐานสิบคือ 903	

จากตัวอย่างการจับคู่ของโครโมโซมของประชากรที่ 2 และ 50 เพื่อทำการแลกเปลี่ยนยีน จนได้โครโมโซมรุ่นใหม่ นำโครโมโซมรุ่นใหม่ทั้ง 8 ชุด ได้แก่ V1(New1), V1(New2), V2(New1), V2(New2), H1(New1), H1(New2), Phi(New1) และ Phi(New2) ที่ได้มาเข้าสู่กระบวนการกลายพันธุ์

สมมติว่ากระบวนการกลายพันธุ์ได้ทำการกลายพันธุ์เฉพาะบางส่วนดังนี้

V1(New1) = 0010010100100	เป็น	0010011100100
V2(New2) = 1000111111100	เป็น	0100111111100
H1(New2) = 01011	เป็น	01010
Phi2(New2) = 10010	เป็น	01100

โดยส่วนที่ไม่กล่าวถึงจะไม่มีการกลายพันธุ์ ดังนั้นแล้วก็จะได้ตัวแปรของประชากรรุ่นใหม่ดังนี้

V1(New1) = 0010011100100	แปลงเป็นฐานสิบคือ	1,252	m/s
V1(New2) = 0001111011000	แปลงเป็นฐานสิบคือ	984	m/s
V2(New1) = 1000100011100	แปลงเป็นฐานสิบคือ	4380	m/s
V2(New2) = 0100111111100	แปลงเป็นฐานสิบคือ	2556	m/s
H1(New1) = 00100	แปลงเป็นฐานสิบคือ	4	m
H1(New2) = 01010	แปลงเป็นฐานสิบคือ	10	m
Phi1(New1) = 01100	แปลงเป็นฐานสิบคือ	12	= มุม -3 องศา
Phi2(New2) = 01100	แปลงเป็นฐานสิบคือ	12	= มุม -3 องศา

หมายเหตุ สำหรับค่า Phi หลังจากแปลงกลับเป็นฐานสิบแล้วจำเป็นต้องลบด้วย 15 ก่อนนำมาใช้เป็นมุมสำหรับคำนวณ

ดังนั้นจากประชากรรุ่นเก่าคือ

ประชากรตัวที่ 2	ประชากรตัวที่ 50
โครงสร้าง 2 ชั้น	โครงสร้าง 2 ชั้น
V1=1,240 m/s	V1=932 m/s
V2=4,412 m/s	V1=4,572 m/s
H1=7 m	H1=8 m
Phi1= -1 radian	Phi1=1 radian

และ



ก็จะได้ประชากรรุ่นใหม่คือ

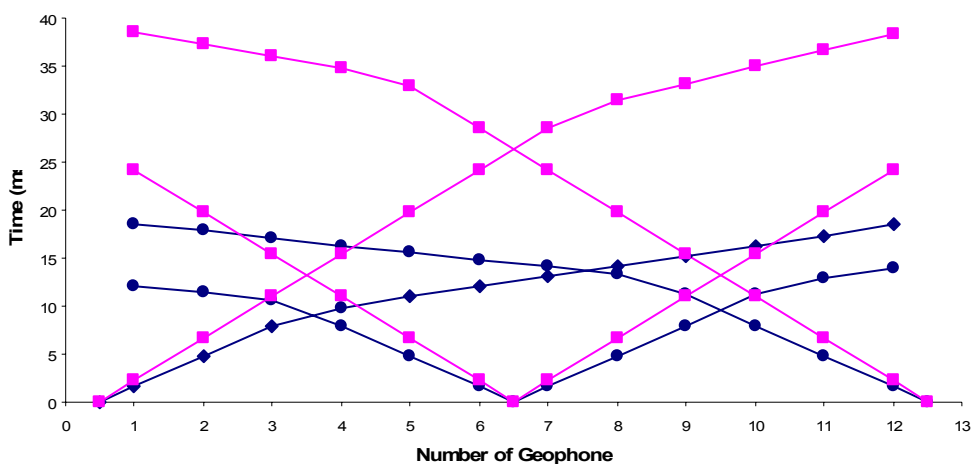
ประชากรตัวที่ 2  
 โครงสร้าง 2 ชั้น  
 V1= 1,252 m/s  
 V2= 4,380 m/s  
 H1= 4 m  
 Phi1= -3 radian

และ

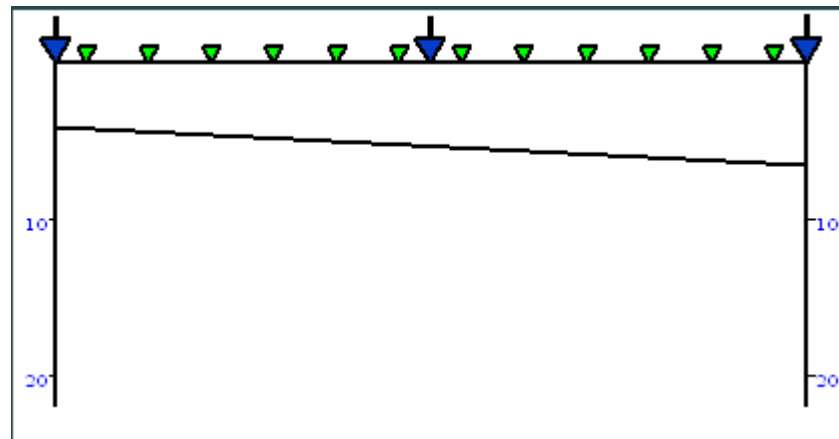
ประชากรตัวที่ 50  
 โครงสร้าง 2 ชั้น  
 V1= 984 m/s  
 V1= 2,556 m/s  
 H1= 10 m  
 Phi1= -3 radian

ซึ่งจะถูกนำมาแทนที่ประชากรรุ่นเดิม หลังจากนั้นก็ทำเช่นเดียวกันกับประชากรตัวอื่นๆ และวนรอบกลับไปทำ กรณีสมมติ 3 จนกว่าจะได้ผลลัพธ์ตามต้องการ

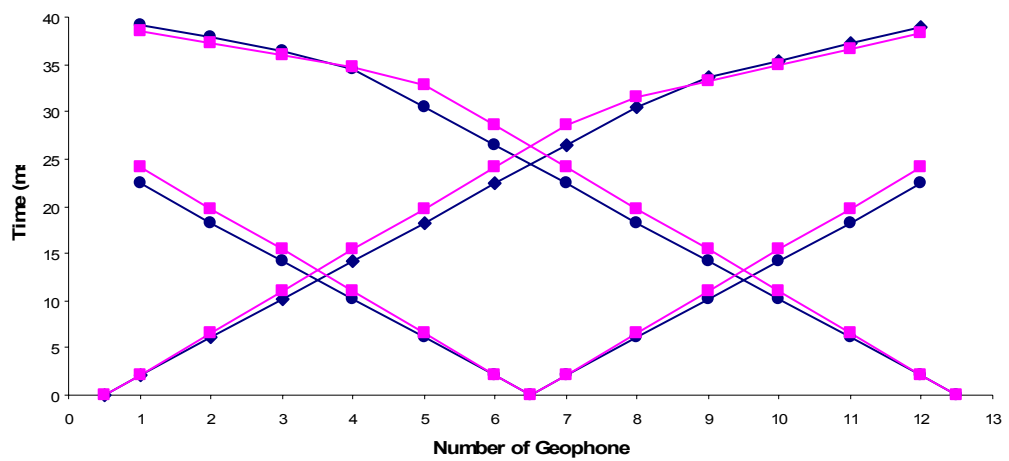
ทดลองนำประชากรตัวใหม่ที่ได้มาหาค่า RMS Error พล็อต t-x Graph เทียบกับ t-x Graph อ้างอิง และเขียนภาพแสดงโครงสร้าง



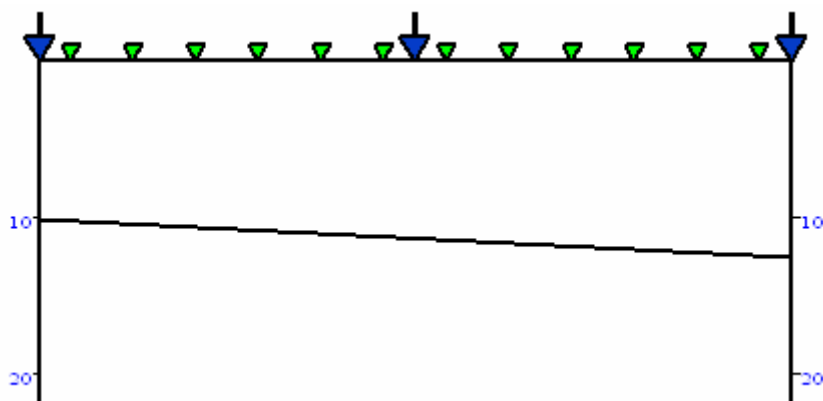
ภาพประกอบที่ 4.25 เปรียบเทียบ t-x Graph อ้างอิง กับ t-x Graph ของประชากรตัวที่ 2 ใหม่ ซึ่งมีค่า RMS Error เท่ากับ 19.9926



ภาพประกอบที่ 4.26 โครงสร้างชั้นดินของประชากรตัวที่ 2 ใหม่



ภาพประกอบที่ 4.27 เปรียบเทียบ t-x Graph อ้างอิง กับ t-x Graph ของประชากรตัวที่ 50 ใหม่ ซึ่งมีค่า RMS Error เท่ากับ 1.9762



ภาพประกอบที่ 4.28 โครงสร้างชั้นดินของประชากรตัวที่ 50 ใหม่

จากผลที่ได้ดังตัวอย่างจะเห็นว่าค่า RMS Error ของประชากรตัวที่ 2 ใหม่ ซึ่งมีค่า RMS Error 19.9926 เมื่อเทียบกับตัวที่ 2 เดิม ซึ่งมีค่า RMS Error 15.9681 ประชากรตัวใหม่ในกรณีนี้มีค่า RMS Error มากกว่า ซึ่งแสดงว่าโครงสร้างใหม่ที่สร้างขึ้นมา มีความเป็นไปได้ที่จะเป็นโครงสร้างที่ถูกต้องน้อยลง แต่ในขณะที่ ค่า RMS Error ของประชากรตัวที่ 50 ใหม่ ซึ่งมีค่า RMS Error 1.9762 เมื่อเทียบกับตัวที่ 50 เดิม ซึ่งมีค่า RMS Error 12.2830 แสดงว่าโครงสร้างใหม่ที่สร้างขึ้นมา มีความเป็นไปได้ที่จะเป็นโครงสร้างที่ถูกต้องมากยิ่งขึ้น เมื่อทำกระบวนการเดิมนี้ซ้ำไปหลายๆรอบ โครงสร้างที่ได้ก็จะมีโอกาสถูกต้อง ตรงกับโครงสร้างจริงๆ มากยิ่งขึ้น ซึ่งทั้งหมดที่กล่าวมานี้คือขั้นตอนของกระบวนการอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์