

บทที่ 6

บทสรุป

6.1 สรุป

จากการประยุกต์ใช้เทคนิคทางคอมพิวเตอร์ซึ่งเรียกว่าอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ ในการทดลองหาโครงสร้างชั้นดินพบว่าเทคนิคอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์นี้สามารถหาโครงสร้างชั้นดินได้ใกล้เคียงกับโครงสร้างชั้นที่สร้างขึ้นและโครงสร้างชั้นดินที่แปลความด้วยโปรแกรม Seismic Interpretation Program (SIP) โดยอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์จะทำการค้นหาค่าตัวแปรต่างๆของโครงสร้างชั้นดินโดยการเข้ารหัสตัวแปรเหล่านี้เป็นเลขฐานสอง แล้วทำการคำนวณเวลา (First Break) ของโครงสร้างนั้นๆ จากตัวแปรต่างๆ นำมาเปรียบเทียบกับเวลาที่ได้จากโครงสร้างที่สร้างขึ้นหรือเวลาที่ได้จากการวัดในภาคสนามจริง เพื่อหาค่าความผิดพลาดของโครงสร้างที่อัลกอริทึมได้สร้างขึ้นแล้วจึงคำนวณหาโครงสร้างที่ดีที่สุดโดยการใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมต่างๆ มากระทำตามจำนวนรอบหรือค่าความผิดพลาดที่ต้องการ จนได้โครงสร้างชั้นดินที่มีค่าเวลาใกล้เคียงกับค่าเวลาของชั้นดินที่สร้างขึ้นหรือเวลาที่ได้จากการวัดในภาคสนามจริงจึงทำการหยุดการคำนวณ ค่าตัวแปรที่ได้จากการถอดรหัสของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดนี้ก็คือค่าตัวแปรของโครงสร้างชั้นดินที่ต้องการทราบ

ในการทดลองหาค่าจำนวนประชากร, ค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีน, ค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ และค่าจำนวนจุดในการแลกเปลี่ยนยีน เพื่อที่จะหาค่าที่เหมาะสมในการคำนวณด้วยอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ พบว่ากรณีชั้นดิน 2 ชั้นเรียงทั้งขนานและเอียงหากใช้ประชากร 50 ตัวค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีนและค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ที่เหมาะสมคือ 0.8 และ 0.01 ตามลำดับ กรณีชั้นดิน 3 ชั้นเรียงขนาน ใช้ประชากร 50 ตัวไม่สามารถหาค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีน และค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ ที่เหมาะสมได้ในรอบการคำนวณ 10,000 รอบ กรณีใช้ประชากร 200 ตัว คำนวณหาชั้นดิน 3 ชั้นเรียงทั้งขนานและเอียงพบว่าค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีนและค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ ที่เหมาะสมคือ 0.8 และ 0.01 ตามลำดับ และกรณีใช้ประชากร 500 ตัว คำนวณ 10,000 รอบ ก็ยังไม่สามารถหาเงื่อนไขที่เหมาะสมในการคำนวณได้ เนื่องจากค่าเฉลี่ย RMSE ของแต่ละเงื่อนไขมีค่าใกล้เคียงกัน สำหรับการทดลองหาจำนวนจุดของการแลกเปลี่ยนยีนเมื่อใช้จำนวนประชากร 200 ตัว ค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีน 0.8 และค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ คือ 0.01 พบว่าจำนวนจุดที่เหมาะสมในการนำไปใช้ในการหาโครงสร้างชั้นดินคือ 1 จุด

ดังนั้นจึงได้เลือกใช้จำนวนประชากร 200 ตัวค่าความน่าจะเป็นในการแลกเปลี่ยนยีน 0.8 ค่าความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ คือ 0.01 และจำนวนจุดในการแลกเปลี่ยนยีน 1 จุด ในการทดสอบโครงสร้างชั้นดินแบบต่างๆต่อไป

ในการทดสอบหาโครงสร้างชั้นดินจากแบบจำลองที่สร้างขึ้นทั้ง 5 แบบ พบว่า อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์สามารถหาโครงสร้างชั้นดินแบบที่ 1, 2 และ 3 ได้ตรงกับแบบจำลองที่สร้างขึ้นโดยตัวแปรต่างๆถูกต้อง 100 % โดยจำนวนรอบที่คำนวณพบก็ขึ้นอยู่กับความยากง่ายของชั้นดิน และสำหรับโครงสร้างที่ 4 และ 5 ซึ่งเป็นโครงสร้างชั้นดิน 3 ชั้นเอียง พบว่าถึงแม้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์จะไม่สามารถคำนวณหาค่าตัวแปรของโครงสร้างของชั้นดินได้ตรงกับโครงสร้างที่สร้างขึ้น 100 % แต่ค่าความผิดพลาดที่ได้ก็ถือว่าน้อยมากจนยอมรับได้ โดยตัวแปรที่อัลกอริทึมไม่สามารถเจอได้ตรงก็คือ ความเร็วชั้นของชั้นต่างๆ แต่สำหรับความลึกและมุมเอียงอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์สามารถหาได้ตรงกับแบบจำลองที่สร้างขึ้น 100 %

สำหรับการทดสอบการแปลความโครงสร้างชั้นดินที่สร้างขึ้นด้วยโปรแกรม SIP พบว่าเมื่อใช้จำนวนจุดกำเนิดคลื่น (Shot Point) ต่างกันคือ 3 และ 5 จุด โปรแกรมก็จะแปลความโครงสร้างที่ได้ต่างกันออกไปแต่ก็ไม่มากมายนัก แม้ว่าโปรแกรมจะไม่สามารถแปลความโครงสร้างที่นำไปทดสอบได้ตรง 100 % แต่ก็ถือว่าเป็นค่าที่ยอมรับได้เช่นกัน

ในการนำโปรแกรม SIP มาใช้หาโครงสร้างชั้นดินจากการออกภาคสนามจริง 3 แนวสำรวจพบว่า แนวสำรวจที่ 1 พบโครงสร้างชั้นดิน 2 ชั้น โดยความเร็วชั้นดินที่ได้ของชั้นที่ 1 และ 2 คือ 472 และ 1,646 m/s ตามลำดับ และ ความหนาของดินชั้นที่ 1 เฉลี่ย คือ 4.1 เมตร แนวสำรวจที่ 2 พบโครงสร้างชั้นดิน 2 ชั้น โดยความเร็วชั้นดินที่ได้ของชั้นที่ 1 และ 2 คือ 512 และ 1,666 m/s ตามลำดับ และ ความหนาของดินชั้นที่ 1 เฉลี่ย คือ 4.2 เมตร และสำหรับแนวสำรวจที่ 3 พบโครงสร้างชั้นดิน 2 ชั้น เช่นเดียวกันโดยความเร็วชั้นดินที่ได้ของชั้นที่ 1 และ 2 คือ 362 และ 1,989 m/s ตามลำดับ และ ความหนาของดินชั้นที่ 1 เฉลี่ย คือ 2.0 เมตร โด

สุดท้ายเมื่อนำข้อมูลที่ได้จากภาคสนามจริงมาทดสอบโดยใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการหาโครงสร้างชั้นดิน พบว่าสำหรับแนวสำรวจที่ 1 อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์พบโครงสร้างชั้นดินเป็นแบบ 3 ชั้น โดยความเร็วชั้นดินที่ได้ของชั้นที่ 1, 2 และ 3 คือ 512, 1,378 และ 1,821 m/s ตามลำดับ และ ความหนาของดินชั้นที่ 1 ที่จุดยิง A และ C คือ 4 และ 4.611 m ตามลำดับ ความหนาของดินชั้นที่ 2 ที่จุดยิง A และ C คือ 8 และ 5.553 m ตามลำดับ มุมเทของดินชั้นที่ 1 และ 2 คือ -1 และ 4 องศา ตามลำดับ แนวสำรวจที่ 2 พบโครงสร้างชั้นดินเป็นแบบ 2 ชั้น ความเร็วชั้นดินที่ได้ของชั้นที่ 1 และ 2 คือ 504 และ 1,708 m/s ตามลำดับ และ ความหนาของดินชั้นที่ 1 ที่จุดยิง A และ C คือ 4 และ 4.611 m ตามลำดับ มุมเทของดินชั้นที่ 1 คือ -1 และสำหรับแนวสำรวจที่ 3 พบ

โครงสร้างชั้นดินเป็นแบบ 3 ชั้น โดยความเร็วชั้นดินที่ได้ของชั้นที่ 1, 2 และ 3 คือ 367, 1,744 และ 1,990 m/s ตามลำดับ และ ความหนาของดินชั้นที่ 1 ที่จุดยิง A และ C คือ 2 m ความหนาของดินชั้นที่ 2 ที่จุดยิง A และ C คือ 15 และ 12.486 m ตามลำดับ มุมเทของดินชั้นที่ 1 และ 2 คือ 0 และ 2 องศา ตามลำดับ ซึ่งจะเห็นว่าการแปลความ โครงสร้างชั้นดิน โดยใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์นี้ ความเร็วและความหนาของดินชั้นที่ 1 เมื่อเปรียบเทียบกับ การแปลความโดยใช้โปรแกรม SIP อยู่ใน ช่วงที่ใกล้เคียงกันทุกแนวสำรวจ แต่อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์สามารถที่จะหาโครงสร้าง นอกเหนือไปจากโครงสร้างที่ SIP สามารถแปลความได้ คือสามารถค้นพบชั้นดินชั้นที่ 3 ซึ่งอยู่ลึก ลงไปและคลื่นที่เดินทางมาถึงตัวรับคลื่น (Geophone) จากชั้นดินนี้อาจจะรับได้โดยตัวรับคลื่นตัว สุดท้ายเพียงตัวเดียว ทำให้เมื่อผู้แปลใช้โปรแกรม SIP ในการแปลความซึ่งผู้แปลต้องเป็นผู้กำหนด จำนวนชั้นดินเองอาจจะไม่ได้สังเกตเห็นชั้นดินชั้นนี้ก็เป็นได้

และสำหรับในการเปรียบเทียบผลของการคำนวณ โดยการใช้ค่า Error ที่ต่างกันคือ Percent Error และ RMS Error ผลปรากฏว่าให้ผลในการคำนวณที่ไม่ต่างกัน เนื่องจากเมื่อทำการ เปรียบเทียบค่า Error ทั้ง 2 แบบ โดยทำการเปลี่ยนค่า Percent Error ให้อยู่ในรูป RMS Error และ เปลี่ยน RMS Error ให้อยู่ในรูป Percent Error เพื่อเปรียบเทียบผลกันแล้ว ผลปรากฏว่าการใช้ค่า Error ทั้ง 2 แบบ มีการแกว่งขึ้นลงของผลที่ได้ในแนวโน้มไปทางเดียวกัน

ดังนั้นจะเห็นว่าข้อดีของการใช้เทคนิคทางคอมพิวเตอร์ที่ชื่อว่าอัลกอริทึมทางพันธุ ศาสตร์ในการนำมาหาโครงสร้างชั้นดินอีกข้อหนึ่งก็คือ อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์สามารถหา โครงสร้างชั้นดินนอกเหนือไปจากโครงสร้างชั้นดินที่ได้จากการแปลความโดยใช้โปรแกรม SIP หรือใช้มนุษย์ในการแปลความเนื่องจากการใช้โปรแกรมดังกล่าวจำเป็นต้องใช้ผู้แปลความ เป็น ผู้กำหนดว่ากราฟเวลาของชั้นดินที่ได้นั้นๆ (ความชันของกราฟเวลานั้นๆ ซึ่งจะเป็นตัวกำหนด ความเร็วของชั้นดินและเป็นการแบ่งแยกชั้นดินแต่ละชั้นออกจากกัน) น่าจะเป็นเวลาที่ได้มาจากชั้น ดินชั้นใด ซึ่งในความเป็นจริงเวลาที่ได้มาจากชั้นดินที่ผู้แปลความคิดว่าถูกต้อง อาจจะมาจากชั้นดิน อีกชั้นหนึ่งซึ่งผู้แปลความไม่มีทางทราบหรือไม่ได้คิดถึงก็เป็นได้

การใช้เทคนิคทางคอมพิวเตอร์ที่ชื่อว่าอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการนำมาหา โครงสร้างชั้นดินโดยการสำรวจแบบใช้คลื่นไหวสะเทือนด้านการหักเหจึงเป็นอีกวิธีหนึ่งที่จะช่วย ในการนำมาหาโครงสร้างชั้นดินให้ครอบคลุมกรณีอื่นๆให้ทั่วถึงอีกด้วย

6.2 ข้อเสนอแนะ

การคำนวณในงานวิจัยนี้ได้ใช้สมการทั่วไปของคลื่นไหวสะเทือนในการคำนวณโครงสร้างของชั้นดินทำให้การหาชั้นดินจะหาได้เฉพาะชั้นเรียบเท่านั้น สำหรับชั้นขรุขระถ้ามีค่าบวกของความผิดพลาดไม่เกิน 5% ก็สามารถประมาณค่าเป็นชั้นเรียบได้ แต่เนื่องจากในความเป็นจริงโครงสร้างชั้นดินในธรรมชาติไม่มีโครงสร้างที่ราบเรียบ 100% หรืออาจจะมีความขรุขระมากเกินไปเกินกว่า 5% ดังนั้นการที่จะสามารถทำให้สามารถคำนวณโครงสร้างที่เป็นแบบขรุขระได้จึงจำเป็นต้องใช้การแบ่งชั้นดินแบบ 2 มิติเป็นบล็อกซึ่งถ้าหากใช้การแบ่งชั้นดินแบบนี้จะไม่สามารถใช้สมการทั่วไปของคลื่นไหวสะเทือนในการคำนวณได้จึงจำเป็นต้องใช้วิธีการสร้างหน้าคลื่นใหม่ (Wave Front Reconstruction) ในการหาค่าเวลาที่คลื่นแรกมาถึงยังตัวรับคลื่น (first break) ซึ่งวิธีการแบ่งโครงสร้างชั้นดินแบบนี้จะทำให้สามารถหาชั้นดินที่เป็นแบบขรุขระได้