

บทที่ 1

บทนำ

1.1 บทนำต้นเรื่อง

การสำรวจด้านคลื่นไหวสะเทือนของชั้นดินเป็นวิธีการหนึ่งที่ใช้ในการตรวจสอบโครงสร้างทางธรณีวิทยาใต้พื้นโลก วิธีการนี้สามารถกำหนดความหนาและชนิดของโครงสร้างแต่ละชั้นได้ นอกจากนี้ยังถูกนำไปใช้กับงานสำรวจในระดับตื้น (ความลึกไม่เกิน 20 m) ที่มักเป็นจุดประสงค์ในงานด้านวิศวกรรม เพื่อตรวจหาบริเวณที่มีความแข็งแรงน้อยในชั้นหินดานโดยการวิเคราะห์ความเร็วของคลื่นซึ่งเป็นสิ่งที่แสดงให้เห็นถึงคุณภาพของหินแต่ละส่วน ปัจจุบันการแปลความข้อมูลคลื่นไหวสะเทือนด้านการหักเหอาศัยเทคนิค การสร้างหน้าคลื่นใหม่ (Wavefront reconstructure method) เวลาดำ (Delay time หรือ Intercept time method) หรือ เทคนิคการสลับตำแหน่งของแหล่งกำเนิดคลื่นและตัวรับสัญญาณคลื่น (Reciprocal method) (Palmer 2001) ดังนั้นการกำหนดโครงสร้างใต้พื้นโลกจากข้อมูลคลื่นไหวสะเทือนด้านการหักเหโดยใช้เทคนิคเหล่านี้จะถูกต้องเพียงใดจึงขึ้นอยู่กับประสิทธิภาพและความชำนาญของผู้วิเคราะห์และแปลความ ซึ่งการใช้เทคนิคทางคอมพิวเตอร์เข้ามาช่วยในการแปลความก็เป็นสิ่งที่น่าสนใจเพื่อที่จะช่วยในการแปลความข้อมูลได้สะดวกและรวดเร็วยิ่งขึ้น สำหรับเทคนิคทางคอมพิวเตอร์ที่เลือกใช้สำหรับการแปลความข้อมูลคลื่นไหวสะเทือนด้านการหักเหนี้ได้เลือกใช้เทคนิคอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ (Genetic Algorithms) ซึ่งเป็นวิธีการหนึ่งที่ใช้ในการค้นหาและแก้ปัญหาเพื่อให้ได้จุดที่เหมาะสมที่สุด โดยพัฒนาและจำลองวิธีการมาจากกระบวนการทางพันธุกรรม สำหรับหลักการของวิธีการนี้คือประชากรสิ่งมีชีวิตทั้งหลายมีทั้งส่วนดีและส่วนไม่ดีซึ่งลักษณะที่ดีจะได้รับการสนับสนุนให้มีการถ่ายทอดพันธุกรรมจากบรรพบุรุษสู่รุ่นลูกหลาน โดยวิธีนี้ข้อมูลจะถูกพิจารณาในรูปแบบของโครโมโซมซึ่งจะมีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากบรรพบุรุษสู่รุ่นลูกหลาน โดยใช้ค่าฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) ที่สอดคล้องกับฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) ในการพิจารณาคำตอบ โดยจะมีการพิจารณาว่าโครโมโซมใดควรจะมีการนำมาสืบสายพันธุ์หรือโครโมโซมใดไม่ควรจะมีการนำมาสืบสายพันธุ์ จากลักษณะขั้นตอนเหล่านี้จะทำให้สามารถหาคำตอบที่มีค่าสูงสุดได้ และจากการหาคำตอบโดยใช้โครโมโซมแต่ละรุ่น ซึ่งมีการสุ่มคำตอบที่เป็นไปได้ทั้งหมดของปัญหา จึงทำให้วิธีการนี้สามารถหาคำตอบได้เหมาะสมที่สุด สำหรับงานการประยุกต์ใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการแปลความคลื่นไหวสะเทือนนี้ เราจะใช้ข้อมูลระยะห่างของจีโอโฟนและเวลาจากการวัดคลื่นไหวสะเทือนด้านการหักเหในภาคสนามนำมาสร้างกราฟต้นแบบ (ฟังก์ชันวัตถุประสงค์) และใช้เทคนิคของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ซึ่งได้

เขียนเป็นโปรแกรมสุ่มชั้นดิน (ซึ่งก็คือประชากรของระบบ) ขึ้นมา โดยชั้นดินที่สุ่มขึ้นมาแต่ละแบบ ก็จะมีกราฟระหว่างระยะห่างของจีโอ โฟนและเวลาของตัวเอง หลังจากนั้นจึงนำกราฟจากชั้นดินที่ได้สุ่มขึ้นมาทำการเปรียบเทียบกับกราฟต้นแบบซึ่งกราฟทั้ง 2 ที่นำมาเปรียบเทียบกับนี้อาจจะมีบางส่วนที่ทับกันและบางส่วนที่ไม่ทับกันซึ่งก็คือค่าฟังก์ชันความเหมาะสม หากกราฟที่ได้จากชั้นดินที่ทำการจำลองขึ้นมีส่วนที่ทับกันกับต้นแบบน้อยเกินไปก็แสดงว่ามีค่าความเหมาะสมต่ำจึงควรคัดออก แต่กลับกันชั้นดินไหนที่กราฟที่ได้มีส่วนที่ทับกันกับกราฟต้นแบบมากก็แสดงว่ามีค่าความเหมาะสมมากจึงควรถูกคัดเลือกให้เข้าสู่กระบวนการต่อไป ซึ่งก็คือการจับคู่กันของชั้นดินที่ได้จากขั้นตอนแรก เพื่อที่จะสร้างชั้นดินแบบใหม่ขึ้นมาซึ่งชั้นดินใหม่ที่ได้นี้อาจจะมีกราฟที่มีค่าความเหมาะสมมากขึ้นกว่าชั้นดินเก่าแสดงถึงว่าชั้นดินใหม่ที่ได้นี้อาจจะมีลักษณะใกล้เคียงกับชั้นดินที่ได้จากการวัดจริงในภาคสนามมากยิ่งขึ้นไปอีก

จากที่ได้กล่าวมาข้างต้นจะเห็นว่าเทคนิคอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ น่าจะเป็นทางเลือกที่ดีในการที่จะนำมาใช้แก้ปัญหาเนื่องจากวิธีการนี้เป็นวิธีการแบบสุ่มและไม่ได้มีการใช้ค่าของคำตอบที่เป็นเงื่อนไขของปัญหาในการหาค่าคำตอบโดยตรง ซึ่งจะทำให้ครอบคลุมถึงปัญหาต่างๆ ได้มากกว่า ดังนั้นการประยุกต์ใช้หลักการของอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์เพื่อแปลความข้อมูลจึงเป็นทางเลือกที่น่าสนใจสำหรับประยุกต์ใช้กับการกำหนดโครงสร้างธรณีวิทยาใต้พื้นโลกในระดับต้นจากข้อมูลคลื่นไหวสะเทือนด้านการหักเห

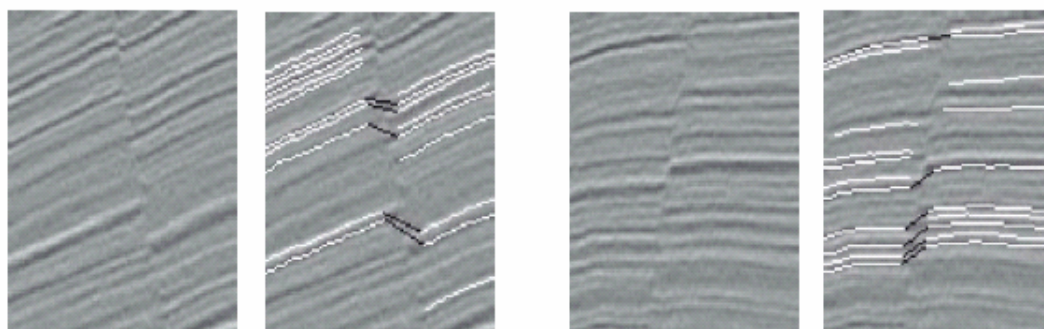
1.2 การตรวจสอบเอกสาร

Nikraves และ Aminzadeh (Nikraves and Aminzadeh F, 2001) ได้รวบรวมและอธิบายถึงวิธีการทางด้านเทคนิคในการหาผลเฉลยทางคอมพิวเตอร์ด้วยวิธีต่างๆ เช่น ฟิชชี่ลอจิก ปัญญาประดิษฐ์ และ อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ โดยกล่าวอ้างอิงถึงงานวิจัยต่างๆ เช่น Chappaz (1977) และ Bois (1983, 1984) ได้เสนอถึงวิธีการใช้ ฟิชชี่ลอจิก ในการแปลความคลื่นไหวสะเทือนซึ่งผลที่ได้สามารถกำหนดโครงสร้างทางธรณีวิทยาได้ Liu *et. al.* (1989) ได้เสนอถึงวิธีการกำจัดข้อมูลรบกวนจากการบันทึกสัญญาณทางด้านคลื่นไหวสะเทือนโดยใช้ระบบปัญญาประดิษฐ์ซึ่งสามารถจัดการข้อมูลรบกวนได้ในระดับหนึ่งและสำหรับอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ได้มีการกล่าวถึงการนำไปใช้ในวิธี inversion ของคลื่นไหวสะเทือนผลที่ได้สามารถให้ข้อมูลออกมาได้ในระดับหนึ่ง

Chaiyaratana และ Zalzal (Chaiyaratana and Zalzal, 1997) ได้อธิบายถึงเรื่องการนำอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ไปประยุกต์ใช้ในด้านต่างๆ เช่น ด้านอิเล็กทรอนิกส์ใช้ในการ

ออกแบบวงจร ได้แก่วงจร amplifier, double band-pass filter เป็นต้น ด้านชีววิทยา และด้านการแพทย์ใช้ในการจำลองการพัฒนาระบบการภูมิคุ้มกันของร่างกาย เป็นต้น

Aurnhammer และคณะ (Aurnhammer, *et al.*, 2002) ได้นำอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์มาใช้ในการจับคู่รอยเลื่อนในชั้นดิน โดยพิจารณาว่าก่อนที่ชั้นดินจะเกิดรอยเลื่อนนี้ ชั้นไหนเคยเป็นชั้นรอยต่อเดียวกันมาก่อน ซึ่งผลที่ได้สามารถจับคู่รอยเลื่อนได้เป็นอย่างดี ดังภาพประกอบที่ 1.1

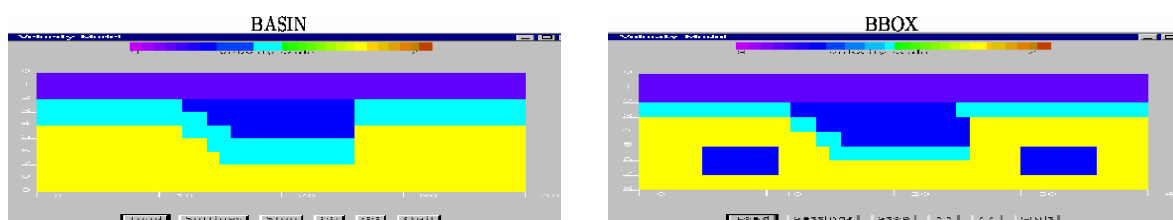


ภาพประกอบที่ 1.1 การใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์มาจับคู่รอยเลื่อนของชั้นดิน

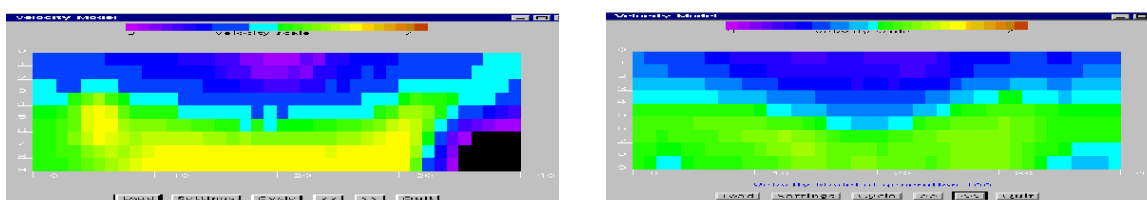
(Aurnhammer, *et al.*, 2002)

Rodríguez-Zúñiga และคณะ (Rodríguez-Zúñiga, *et al.*, 1997) ได้สำรวจความเป็นไปได้ของการประยุกต์ใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ ในการหาแบบจำลองคุณสมบัติเชิงกลของดินชั้นต่าง เช่น ความเร็วของคลื่นอัด และคลื่นเฉือน ซึ่งสัมพันธ์อยู่กับค่าสัมประสิทธิ์ความยืดหยุ่น ซึ่งได้ทดลองขึ้นที่ ทะเลสาบ Virgin Texcoco ใกล้เมืองเม็กซิโก และที่ European Synchrotron Radiation Facility (ESRF) ของสหราชอาณาจักร ซึ่งผลที่ได้ที่ทะเลสาบ Virgin Texcoco เม็กซิโก สามารถหาความเร็วของคลื่นเฉือนได้ในช่วง 30-90 เมตรต่อวินาที และ พบว่าโครงสร้างชั้นที่ 2 เป็นดินเหนียว มีความลึก 60 เมตร ณ แหล่งกำเนิดคลื่น สำหรับที่ ESRF พบโครงสร้างเป็นชั้นดินทราย

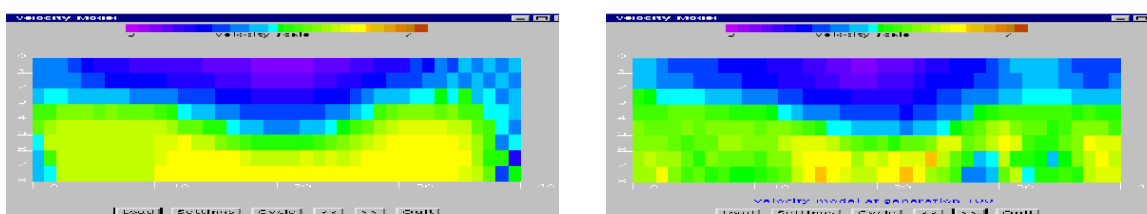
Louis และคณะ (Louis, *et al.*, 1999) ได้ศึกษาการใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการหาแบบจำลองชั้นใต้ดิน จากข้อมูลคลื่นไหวสะเทือนด้านการหักเห โดยได้ทำการแบ่งชั้นดินออกเป็นส่วนๆ (Box) แต่ละส่วนมีความเร็วต่างๆ ซึ่งอยู่ในช่วง 1.8-7.2 เมตรต่อมิลิวินาที และได้จำลองชั้นดินขึ้นมา 2 แบบคือแบบ BASIN และแบบ BBOX โดยทดสอบการ Crossover 4 แบบ และใช้เลขฐานสอง 5 bit แทนที่ความเร็วในแต่ละส่วน ซึ่งพบว่าคุณภาพของผลเฉลยที่ได้เพิ่มขึ้น ถ้าเราเพิ่มจำนวนประชากร และการ Crossover แบบ 2D Crossover ให้ผลดีกว่า 1D Crossover อีกทั้งยังได้ทำการเปรียบเทียบกับวิธี Simulated Annealing (SA) พบว่า อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์สามารถเปรียบเทียบข้อมูลเข้ากับแบบจำลองได้ดีกว่าวิธี Simulated Annealing



ภาพประกอบที่ 1.2 โมเดลสังเคราะห์ Basin Model (ซ้าย) Bbox Model (ขวา)



ภาพประกอบที่ 1.3 Basin Model ที่ได้จากการประมวลผลด้วย SA (ซ้าย) และ ประมวลผลด้วย GA (ขวา)

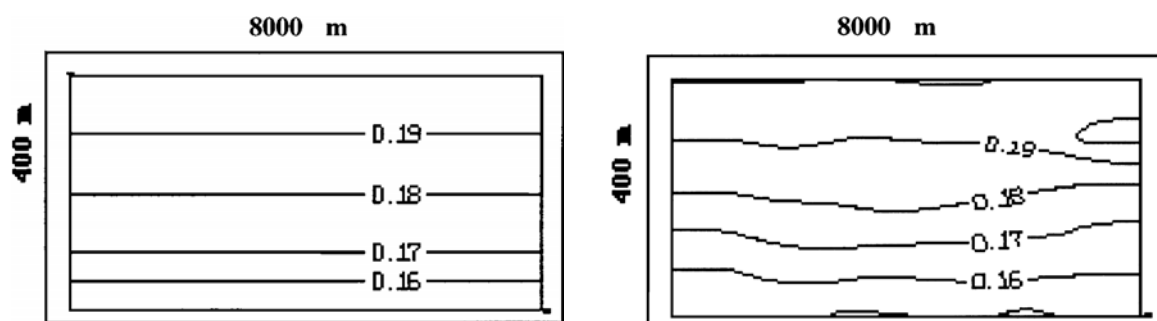


ภาพประกอบที่ 1.4 Bbox Model ที่ได้จากการประมวลผลด้วย SA (ซ้าย) และ ประมวลผลด้วย GA (ขวา) (Louis, *et al.*, 1999)

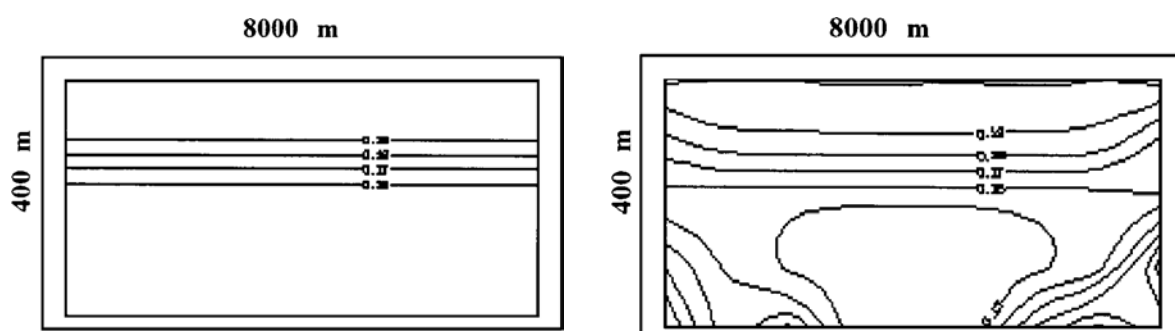
Li และคณะ (Li, *et al.*, 1995) สํารวจความเป็นไปได้ในการนำอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์มาใช้ในการหาโครงสร้างชั้นใต้ดิน โดยได้ทำการจำลองโครงสร้างเป็นกล่องสี่เหลี่ยมที่ถูกฝังอยู่ใต้ดิน และใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์หาโครงสร้างที่ถูกจำลองขึ้นนี้จากข้อมูลคลื่นไหวสะเทือนที่จำลองขึ้น ซึ่งพบว่าอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์สามารถเปรียบเทียบความเป็นไปได้ของโครงสร้าง 2 มิติ จากความเร็วคลื่นไหวสะเทือนได้ดี

Boschetti และคณะ (Boschetti, *et al.*, 1996) ทดสอบใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการหาโครงสร้างชั้นใต้ดินที่ได้จำลองขึ้นมาโดยได้จำลองชั้นดินเป็นชั้นดินเรียบ 4 ชั้น

และได้ใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการหาโครงสร้างชั้นดินนี้โดยการทดสอบอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ซึ่งแบ่งเป็น 3 วิธีคือ Linear Normalisation Selection, Linear Normalisation Selection with Pseudo Subspace และ Parent Selection with Pseudo Subspace ปรากฏว่าวิธี Selection with Pseudo Subspace ให้ผลในการหาชั้นดินได้ใกล้เคียงแบบจำลองดีกว่าวิธีอื่นๆ



ภาพประกอบที่ 1.5 โมเดลสังเคราะห์ (ซ้าย) โมเดลที่ได้จากการคำนวณโดยวิธีอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ (ขวา)



ภาพประกอบที่ 1.6 โมเดลสังเคราะห์ (ซ้าย) โมเดลที่ได้จากการคำนวณโดยวิธีอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ (ขวา) (Boschetti, *et al.*, 1996)

1.3 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

ประยุกต์ใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการกำหนดลักษณะ โครงสร้างทาง
ธรณีวิทยาใต้พื้นโลกจากข้อมูลคลื่นไหวสะเทือนด้านการหักเห

1.4 ขอบเขตของงานวิจัย

งานวิจัยนี้ต้องการประยุกต์ใช้อัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ในการกำหนดลักษณะ
โครงสร้างทางธรณีวิทยาใต้ผิวโลกในระดับตื้น(ความลึกไม่เกิน 15 m จากผิวโลก) จากข้อมูลคลื่น
ไหวสะเทือนด้านการหักเห และจากโครงสร้างเราจะได้ข้อมูลของความเร็วและเวลานำมาทดสอบ
กับโปรแกรมที่เขียนขึ้นด้วยภาษา C++ โดยใช้ระเบียบวิธีอัลกอริทึมทางพันธุศาสตร์ ผลที่ได้จะ
สามารถนำมาตัดสินใจได้ว่า สามารถนำระเบียบวิธีนี้ไปใช้ในการหาชั้น โครงสร้างใต้ดินจากข้อมูล
จริงได้ดีหรือไม่ โครงสร้างทางธรณีวิทยาที่สนใจศึกษา คือ โครงสร้างที่ชั้นดินเรียบ 2 ชั้นขนานกัน
และพื้นผิวด้านบนผิวโลกเป็นที่ราบไม่มีสภาพภูมิประเทศสูงๆต่ำๆเข้ามาเกี่ยวข้อง หากโปรแกรม
สามารถหาโครงสร้างชั้นดินเรียบ 2 ชั้นขนานกัน นี้ได้อย่างถูกต้องแม่นยำ ก็จะทดสอบกับ
โครงสร้างชั้นดิน 3 ชั้นเรียบขนานกัน หลังจากนั้นจึงทดสอบกับ โครงสร้าง 2 ชั้นเรียบแต่ไม่ขนาน
กัน หากสามารถหาโครงสร้างทั้ง 3 อย่างนี้ได้ อย่างถูกต้องแม่นยำ ก็อาจจะสามารถประยุกต์ใช้กับ
โครงสร้าง 2 ชั้น ที่พื้นข้างล่างไม่เรียบได้ ทั้งนี้ทั้งนั้นจะต้องทำการทดสอบโปรแกรมกับ
แบบจำลองที่สร้างขึ้นมาก่อน ที่จะนำโปรแกรมไปทดสอบกับข้อมูลที่ได้จากพื้นที่จริง