



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

Inversión AVA-2D utilizando un algoritmo genético híbrido

Erick Enrique Gutiérrez Bossa

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias, Departamento de Geociencias
Bogotá D. C., Colombia
2019

Inversión AVA-2D utilizando un algoritmo genético híbrido

Erick Enrique Gutiérrez Bossa

Tesis de maestría presentada como requisito parcial para optar al título de:

Magíster en Ciencias-Geofísica.

Director:

Profesor Luis Alfredo Montes Vides, Ph.D.

Línea de Investigación:

Inversión Sísmica

Grupo de Investigación:

Grupo de Geofísica

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias, Departamento de Geociencias
Bogotá D. C., Colombia
2019

A Elena, Elena, a sus hijas.

“Sombras son la gente,
A la la la la la la la. (bis)
Plantación adentro, camará’,
es donde se sabe la verdad,
es donde se aprende la verdad.”
Plantación adentro,
Metiendo Mano!,
Willie Colón y Rubén Blades, 1977.
Autor: Catalino Curet Alonso.

Agradecimientos

Un sincero agradecimiento al profesor Luis Alfredo Montes Vides por la paciencia con la que ha atendido, y solucionado, las dudas que me han surgido en el desarrollo de este trabajo. Además, deseo agradecer a estudiantes y egresados de la Maestría en Ciencias Geofísica: Camilo Caicedo, por su ayuda en el procesamiento de los registros de campo, sus valiosos consejos y recomendaciones, Leonardo Mora, Andrés Salamanca, Omar Fernando Pinto Quintero y Carolina Buitrago. Un agradecimiento a **Pacific Rubiales Energy**, por facilitar la información de campo a los estudiantes de la Maestría.

Resumen

La inversión sísmica permite estimar propiedades elastomecánicas del subsuelo a partir de registros sísmicos y de pozo. Los algoritmos genéticos son técnicas de inteligencia artificial empleadas en la optimización del error o ajuste de los registros sísmicos y registros sintéticos presente en la inversión sísmica. Convencionalmente, los algoritmos genéticos han sido estudiados en codificación binaria. Esta investigación aborda la comparación y optimización de operadores de cruce y mutación en algoritmos genéticos de codificación binaria (bits), en real (números reales) e híbrida (números reales y cadenas de bits). Además, este trabajo analiza la incorporación de otras técnicas de optimización que incluyen lógica difusa, operadores autoadaptativos y *Simulated Annealing*. Finalmente, la implementación de cuatro algoritmos genéticos en registros sintéticos y reales permite establecer las ventajas y desventajas de la aplicación presentes en cada algoritmo en inversión sísmica. El procesamiento de los registros reales conserva las amplitudes sísmicas al compensar los efectos físicos de atenuación y dispersión, incidencia oblicua, pérdida por transmisión.

Palabras clave: Inteligencia Artificial, algoritmos genéticos, inversión sísmica, autoadaptabilidad.

Abstract

Seismic inversion allows making estimates of elastomechanical earth properties from seismic and well data. Genetic algorithms are artificial intelligence techniques used in fitness/error optimization present in seismic inversion. Conventionally, genetic algorithms have been applied in binary strings. We compare and optimize genetic operator such as crossover and mutation in real number, binary number and hybrid (real-binary mixture) coded genetic algorithms. Furthermore, we analyze the incorporation of other artificial intelligence techniques including Fuzzy Logic, Selfadaptiveness, and Simulated Annealing. Finally, field data and synthetic implementations of best genetic algorithms allow to establish advantages and shortcomings presented by each seismic inversion algorithm. Seismic processing preserves amplitudes compensating for attenuation and dispersion, surface oblique incidence, downward and upward reflection loses.

Keywords: Artificial Intelligence, Genetic Algorithms, Seismic inversion, Selfadaptiveness.

Contenido

Agradecimientos	vi
Resumen	vii
1 Introducción	1
2 Marco teórico I: Algoritmos genéticos y otras técnicas de optimización	3
2.1 Algoritmo genético simple	3
2.2 Codificación binaria	4
2.3 Cruces clásicos de tipo binario	5
2.4 Cruce Binario Simulado (SBX: <i>Simulated Binary Crossover</i>)	5
2.5 Cruce Dinámico Heurístico (DHX: <i>Dynamic Heuristic Crossover</i>)	8
2.5.1 Familias de funciones F, S y M	9
2.5.2 Conectores difusos paramétricos	9
2.5.3 Cruce dinámico heurístico	13
2.6 Mutación Real	14
2.6.1 Mutación polinomial	14
2.6.2 Distribución de mutaciones tipo Reloj (CM: <i>Clock Mutation</i>)	15
2.7 Selección de reproductores	15
2.7.1 Selección de reproductores tipo SA	16
2.8 Autoadaptabilidad	17
2.8.1 Función de aptitud autoadaptativa	18
2.8.2 Probabilidad de cruce autoadaptativa	18
3 Marco teórico II: Modelamiento directo e inversión elástica	19
3.1 Modelamiento directo	19
3.1.1 Ecuaciones de Zoeppritz	19
3.2 Consistencia pozo-sísmica	22
4 Procedimiento	24
4.1 Implementación del algoritmo	24
4.2 Esquema específico del algoritmo genético	24
4.2.1 Espacio de búsqueda	24
4.2.2 Codificación binaria	26

4.3	Esquemas de cruce implementados en codificación binaria	29
4.4	Medición de error y función de ajuste	31
4.5	Pruebas de desempeño	33
4.6	Procesamiento pre inversión	33
4.6.1	Flujo de procesamiento	34
5	Resultados	39
5.1	Optimización de algoritmos genéticos	39
5.1.1	Comparación de esquemas de cruce binario	39
5.1.2	HCGA: Efecto de la mutación real en cruces binarios.	42
5.1.3	Análisis paramétrico esquemas de mutación y de cruce real	46
5.1.4	Análisis paramétrico cruces dinámico heurístico DHX	51
5.1.5	Esquemas de selección	56
5.2	Registros sintéticos de varias capas	60
5.3	Implementación en registros reales	65
5.3.1	Descripción general de los registros sísmicos y de pozo	65
5.3.2	Procesamiento de pozos	67
5.3.3	Picado de reflectores	69
5.3.4	Inversión de coeficientes de reflectividad reales	70
6	Conclusiones y recomendaciones	72
6.1	Conclusiones	72
6.2	Recomendaciones	73
	Bibliografía	74

1 Introducción

El propósito de la inversión sísmica es determinar un modelo del subsuelo que explique de mejor manera los registros sísmicos y de pozo adquiridos en campo. Dependiendo de la complejidad del modelo del subsuelo, es posible realizar desde estimativos de modelos de impedancia acústica (Sheriff y Geldart, 1995), hasta estimativos de modelos de propiedades elastomecánicas velocidad de ondas P y S, módulos de compresibilidad y de cizalla (Zong *et al.*, 2012). El conocimiento de la información de pozo y de las propiedades elastomecánicas del subsuelo permite estimar propiedades como porosidad, saturación de fluidos y permeabilidad (Mavko y Mukerji, 2009).

Las técnicas de optimización actualizan iterativamente un modelo del subsuelo inicial maximizando su ajuste con los registros reales. Como resultado, la técnica encuentra un modelo del subsuelo que ajusta aceptablemente la información adquirida en campo. Los algoritmos genéticos (GA's) son técnicas de optimización que tienen como fundamento los mecanismos de selección natural: de una población inicial de modelos descienden los modelos más aptos que se combinan para generar una nueva población (Goldberg, 1989). La generación de una nueva población se repite hasta que el ajuste o error alcanza un valor aceptable, o transcurre un número máximo de generaciones.

Los GA's están compuestos fundamentalmente por cinco procesos: codificación, selección de reproductores, cruce, mutación y actualización. El desempeño de un algoritmo genético depende del desempeño particular de estos procesos y la cohesión entre los mismos. Goldberg (1989) propuso las reglas de cruce y mutación que emulan la selección natural en términos de la codificación binaria (BCGA¹). En las décadas posteriores, los estudios teóricos e implementaciones utilizaron esta codificación (Sambridge y Drijkoningen, 1992, Stoffa y Sen, 1991, Porsani *et al.*, 1993, Mallick, 1999).

En las últimas décadas diversos autores han señalado que la codificación real (RCGA²) es más rápida y eficiente que la codificación binaria (Fang y Yang, 2015). Por otro lado, Chen *et al.* (2006) estudiaron la codificación híbrida (HCGA³) incorporando las ventajas de cada uno de los esquemas de codificación. Para ello, estos autores propusieron un algoritmo genético

¹Binary Coded Genetic Algorithms

²Real Coded Genetic Algorithms

³Hybrid Coded Genetic Algorithm

de codificación híbrida en que emplea cruce binario y mutación real. Estos autores llegaron a la conclusión, que bajo un esquema de cruce de punto sencillo, el cruce binario genera una exploración local del espacio de búsqueda más completa que el cruce real. Además, Chen *et al.* (2006) concluyeron que la mutación bajo codificación real produce mayor diversidad global de la población que bajo la codificación binaria

A pesar de que los GA's han mostrado desempeño superior sobre otras técnicas como Monte Carlo y *Simulated Annealing* (Sambridge y Drijkoningen, 1992, Stoffa y Sen, 1991, Sen y Stoffa, 1992) presentan defectos independientes del esquema de codificación como: convergencia prematura y falta de diversidad en las poblaciones. Como respuesta a estas desventajas, diversos autores propusieron algoritmos genéticos híbridos que implementan mecanismos de otras técnicas como SA (Stoffa y Sen, 1991, Chanjuan *et al.*, 2016, Fang y Yang, 2015), LI (*Linear Inversion*) (Porsani *et al.*, 1993, 2000), *Conjugate Gradient* (Junyu *et al.*, 2014) y operadores autoadaptativos (Chen *et al.*, 2006). No obstante, la comparación e incorporación de estas técnicas en versiones híbridas de los GA's en un algoritmo de inversión sísmica no ha sido efectuada.

Con el propósito de diseñar un algoritmo de inversión sísmica, el presente trabajo aborda la evaluación de la sinergia de operadores genéticos (reales y binarios) y algunas técnicas de optimización ajenas a los GA's. En primer lugar, se comparan los operadores genéticos binarios con operadores reales, de cruce (SBX: *Simulated Binary Crossover* Deb y Agrawal (1995), DHX: *Dynamic Heuristic Crossover* Herrera *et al.* (2005)), y de mutación (CM: *Clock Mutation* (Deb y Deb, 2014)). En segundo lugar, el trabajo compara el mecanismo de selección de reproductores *Fitness Proportionate-Simulated Annealing* (Stoffa y Sen, 1991, 2013) con el esquema de selección de torneo (Stoffa y Sen, 2013). Además, se analiza la incorporación de técnicas de autoadaptabilidad de la función de error y de la probabilidad de cruce. La optimización de estos operadores y técnicas conllevan a versiones de BCGA's, HCGA's y RCGA's.

El modelamiento directo de coeficientes de reflectividad emplea una variación de las ecuaciones propuestas por Aki y Richards (2002) y un trazado de rayos iterativo (Gutiérrez, 2015) que limita la implementación del algoritmo a ambientes de depositación tranquila. El éxito de la aplicación del algoritmo de inversión en sus distintas versiones, depende principalmente de la calidad de las amplitudes de las trazas sísmicas y de la correlación con registros de pozo. Los fenómenos físicos propios de la propagación, los efectos de adquisición y los artefactos de procesamiento afectan las amplitudes de las trazas sísmicas (Chopra y Castagna, 2014). De estos efectos, son de particular importancia, e infortunadamente obviados con frecuencia, la incidencia oblicua, los procesos de deconvolución y el modelamiento de atenuación-dispersión en correlación con los registros de pozos. Este trabajo aborda de manera secundaria estos aspectos.

2 Marco teórico I: Algoritmos genéticos y otras técnicas de optimización

El marco teórico del presente trabajo se divide en dos partes. La primera parte aborda los fundamentos de técnicas de optimización enfocadas a la sinergia con algoritmos genéticos. La segunda parte enfatiza las herramientas geofísicas necesarias para implementar el algoritmo de optimización como parte de un algoritmo de inversión sísmica.

2.1. Algoritmo genético simple

Un algoritmo genético en toda iteración o generación t mantiene una población $P(t)$ de individuos que es un subconjunto del espacio de búsqueda. La población inicial de individuos $P(0)$ se selecciona generalmente de manera aleatoria. La tabla **2-1** muestra el esquema fundamental de funcionamiento del algoritmo genético más simple.

Tabla 2-1: Seudocódigo adaptado de *Genetic Algorithms* en Bäck *et al.* (2000) y Gen y Cheng (2000).

Inicio

`t = 0;`

`inicialice P(t);`

`evalúe los individuos a partir de P(t);`

mientras la condición de finalización no se satisfaga **realice:**

Inicio

`seleccione reproductores C(t) de P(t);`

`obtenga C'(t) entrecruzando y mutando los individuos de C(t);`

`seleccione nueva población P(t+1) a partir de P(t) y C'(t);`

`t = t+1;`

Fin**Fin**

La “condición de finalización” puede indicar la conclusión de un número predeterminado de iteraciones ($t > t_{max}$) o la convergencia a un error aceptable (cuando el error entre el mejor miembro de la población y los datos reales sea suficientemente pequeño).

Por otra parte, dos tipos de selección componen el esquema del GA presentado: la selección de los individuos aptos para reproducirse ($C(t)$) y la selección de la nueva población entre la descendencia $C'(t)$ y la población antigua $P(t)$ ¹. El operador genético de cruce apareaa los individuos aptos para reproducirse ($C(t)$) de la población actual $P(t)$. El operador genético de mutación, muta los descendientes de cada cruce para conformar la descendencia $C'(t)$. La aplicación de estos operadores genéticos constituyen transformaciones estocásticas, controladas en la implementación de $C(t)$ en $C'(t)$. En general, el número de descendientes $\lambda = |C'(t)|$ puede ser distinto al número de progenitores, los algoritmos genéticos más sencillos. Convencionalmente el tamaño de $P(t)$ es constante en el transcurso del tiempo ($\mu = |P(t)| = cte.$). Bajo el esquema de selección de la nueva población ($\mu + \lambda$) los mejores μ individuos entre $C'(t)$ y $P(t)$ conforman $P(t + 1)$.

La construcción de un algoritmo genético la componen las siguientes etapas:

- **codificación** del espacio de búsqueda,
- definición de **función de aptitud**,
- definición la **selección de reproductores**,
- definición de los operadores genéticos de **mutación** y **cruce**, y
- definición de **la selección de una nueva la población**.

2.2. Codificación binaria

Holland (1992) propuso los algoritmos genéticos en codificación binaria dado el grado de analogía que esta representación posee con los procesos genéticos naturales, particularmente los operadores de cruce y mutación emulan el intercambio de cromosomas. El código binario reflejado o código Gray es una alternativa al código binario que ha mostrado mayor desempeño que el código binario usual Sendhoff *et al.* (1997), Stoffa y Sen (2013), Gen y Cheng (2000), Bäck *et al.* (2000). En esta codificación la distancia de Hamming (diferencia de bits entre dos cadenas) entre las representaciones de dos valores sucesivos de un parámetro es de un solo bit.

La codificación Gray no soluciona por completo el problema de causalidad (Sendhoff *et al.*, 1997) presente en la codificación binaria: como muestra la Tabla **2-2**, las cadenas de bits

¹A veces se suele denominar este paso como actualización de la población o reemplazo de individuos.

Tabla 2-2: Codificación binaria y Gray en 3 bits del intervalo de búsqueda de un parámetro de un modelo o individuo en \mathcal{F} . El número entero i identifica un valor en el intervalo de búsqueda.

i	Binario	Gray
0	000	000
1	001	001
2	010	011
3	011	010
4	100	110
5	101	111
6	110	101
7	111	100

asociadas a 0 y 7 difieren en un solo bit y representan los valores extremos del intervalo de búsqueda.

2.3. Cruces clásicos de tipo binario

La idea que subyace en el entrecruzamiento de cromosomas es la generación de descendencia que contenga los mejores genes de los padres, el aumento de la variabilidad genética. El intercambio de información que comprende un cruce de individuos busca la generación de individuos con valores de aptitud mayores a los de sus progenitores.

Existen tres tipos de cruces clásicos en la codificación en cadenas de bit: el cruce de un solo punto, el cruce de dos puntos (Tabla 2-3) y el uniforme (Tabla 2-4) (Stoffa y Sen, 2013).

El cruce es un operador genético estocástico: una vez seleccionadas las posiciones de referencia de forma aleatoria, la ejecución del cruce está condicionada por una probabilidad de cruce p_c , prefijada en la implementación del algoritmo. Para $p_c \rightarrow 1$, el cruce de casi siempre ocurrirá.

2.4. Cruce Binario Simulado (SBX: Simulated Binary Crossover)

Propuesto originalmente en Deb y Agrawal (1995), el cruce binario simulado en código real, emula la distribución probabilística del cruce binario. A través de este cruce, cada uno

Tabla 2-3: Tipos de cruces utilizados en la codificación de cadenas de bits. Los números ubicados en la parte superior indican la posición del bit. La línea punteada delimita las secciones de intercambio y los números rojos, las posiciones de referencia.

(a) Cruce de un punto.	(b) Cruce de dos puntos.																																																																																																																												
<table style="margin: auto;"> <tr> <td style="padding-right: 5px;">8</td><td style="padding-right: 5px;">7</td><td style="padding-right: 5px;">6</td><td style="padding-right: 5px;">5</td><td style="padding-right: 5px; color: red;">4</td><td style="padding-right: 5px;">3</td><td style="padding-right: 5px;">2</td><td style="padding-right: 5px;">1</td> </tr> <tr> <td>A</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td> </tr> <tr> <td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td> </tr> <tr> <td>B</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td> </tr> <tr> <td colspan="9" style="border-top: 3px double black;"></td> </tr> <tr> <td>A'</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td> </tr> <tr> <td>B'</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td> </tr> </table>	8	7	6	5	4	3	2	1	A	0	1	1	0	1	0	0	1										B	1	0	0	1	0	1	1	1										A'	0	1	1	0	1	1	1	1	B'	1	0	0	1	0	0	0	1	<table style="margin: auto;"> <tr> <td style="padding-right: 5px;">8</td><td style="padding-right: 5px;">7</td><td style="padding-right: 5px; color: red;">6</td><td style="padding-right: 5px;">5</td><td style="padding-right: 5px; color: red;">4</td><td style="padding-right: 5px;">3</td><td style="padding-right: 5px;">2</td><td style="padding-right: 5px;">1</td> </tr> <tr> <td>A</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td> </tr> <tr> <td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td><td style="border-left: 1px dashed black;"></td> </tr> <tr> <td>B</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td> </tr> <tr> <td colspan="9" style="border-top: 3px double black;"></td> </tr> <tr> <td>A'</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td> </tr> <tr> <td>B'</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">1</td><td style="border: 1px solid black; background-color: blue;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">0</td><td style="border: 1px solid black; background-color: yellow;">1</td> </tr> </table>	8	7	6	5	4	3	2	1	A	0	1	1	0	1	0	0	1										B	1	0	0	1	0	1	1	1										A'	1	0	1	0	1	1	1	1	B'	0	1	0	1	0	0	0	1
8	7	6	5	4	3	2	1																																																																																																																						
A	0	1	1	0	1	0	0	1																																																																																																																					
B	1	0	0	1	0	1	1	1																																																																																																																					
A'	0	1	1	0	1	1	1	1																																																																																																																					
B'	1	0	0	1	0	0	0	1																																																																																																																					
8	7	6	5	4	3	2	1																																																																																																																						
A	0	1	1	0	1	0	0	1																																																																																																																					
B	1	0	0	1	0	1	1	1																																																																																																																					
A'	1	0	1	0	1	1	1	1																																																																																																																					
B'	0	1	0	1	0	0	0	1																																																																																																																					

Tabla 2-4: Cruce uniforme. El valor de la descendencia se escoge bit a bit. El valor $x = \{0, 1\}$ del bit No. 4 de A' , o de B' , tiene la misma probabilidad ($p = 0,5$) de ser igual al valor del bit No. 4 de A (1) que del bit No. 4 de B (0).

8	7	6	5	4	3	2	1	
A	0	1	1	0	1	0	0	1
B	1	0	0	1	0	1	1	1
A'	1	1	0	0	x			
B'	0	1	1	1	x			

de los parámetros que conforman poseen la misma probabilidad de pertenecer al intervalo de exploración o al intervalo de explotación. Si $C_1 = (c_1^{1t}, \dots, c_n^{1t})$ y $C_2 = (c_1^{2t}, \dots, c_n^{2t})$ son los modelos seleccionados para cruzamiento, los de descendientes $H_k = (h_1^{kt}, \dots, h_i^{kt}, \dots, h_n^{kt})$, $k = (1, 2)$, se generan así:

$$h_i^{1t} = \frac{1}{2} [(1 + \beta)c_i^{1t} + (1 - \beta)c_i^{2t}] \quad (2-1)$$

$$h_i^{2t} = \frac{1}{2} [(1 - \beta)c_i^{1t} + (1 + \beta)c_i^{2t}]. \quad (2-2)$$

En donde β es un número no negativo generado aleatoriamente conforme a la función de densidad de probabilidad definida como:

$$f(\beta) = \begin{cases} \frac{1}{2}(\eta_c + 1)\beta^{\eta_c}, & \text{si } 0 \leq \beta \leq 1 \\ \frac{1}{2}(\eta_c + 1)\frac{1}{\beta^{\eta_c+2}}, & \text{si } \beta > 1. \end{cases}$$

La variable aleatoria β la define la función:

$$\beta(u) = \begin{cases} (2u)^{\frac{1}{\eta_c+1}}, & \text{si } u \leq 0,5 \\ (2(1-u))^{-\frac{1}{\eta_c+1}}, & \text{si } u > 0,5. \end{cases}$$

En donde u es una variable aleatoria con una distribución uniforme $u(0,1)$. La Figura 2-1 muestra la distribución de la variable aleatoria β como función de η_c . Cuando $c^{1t} \leq c_i^{2t}$ y la variable con distribución uniforme $u \leq 0,5$ ($0 \leq \beta \leq 1$), los parámetros cruzados pertenecen al intervalo de explotación:

$$c_i^{1t} \leq h_i^{1t} \leq \frac{1}{2}(c_i^{1t} + c_i^{2t}) \quad \text{y} \quad \frac{1}{2}(c_i^{1t} + c_i^{2t}) \leq h_i^{2t} \leq c_i^{2t}. \quad (2-3)$$

En caso contrario ($u > 0,5$, $\beta > 1$), el cruce genera parámetros en el intervalo de exploración, es decir, $h_i^{1t} < c_i^{1t}$ y $h_i^{2t} > c_i^{2t}$.

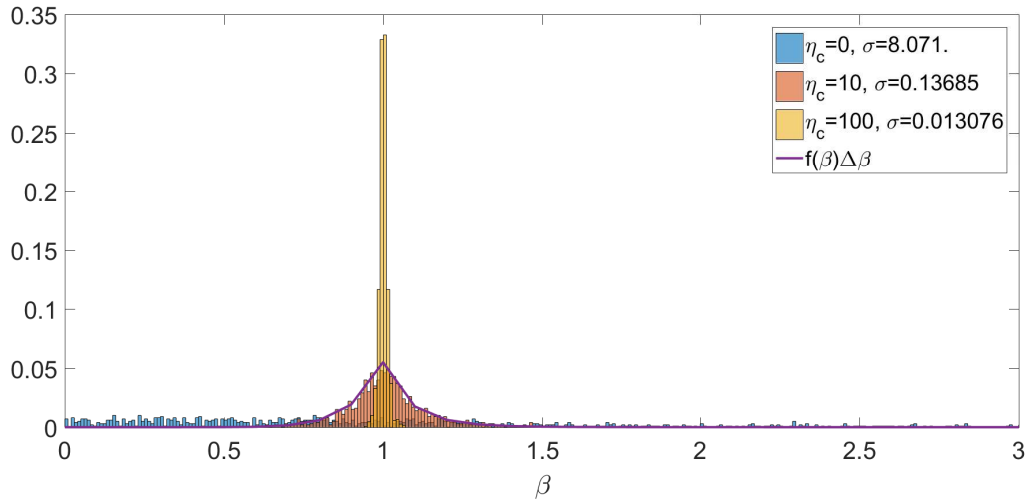


Figura 2-1: Distribución de probabilidades de la variable β en función del parámetro de cruce η_c .

A manera de ejemplo, la Figura 2-2 muestra la distribución del i -ésimo parámetro, correspondiente a la velocidad de onda P, de los descendientes h_i^1 (colores fríos) y h_i^2 (colores cálidos)

resultado del cruce $c_i^1 = 1600$ m/s y $c_i^2 = 2000$ m/s. La probabilidad de que los descendientes estén dentro del intervalo de explotación $[1500, 2000]$ m/s es igual a la probabilidad de que los mismo estén en el intervalo de exploración (50 %). Mientras que h_i^1 (colores azulados) toma valores menores al promedio 1800 m/s, h_i^2 toma mayores al promedio. El parámetro de cruce η_c es no negativo y controla la dispersión de la variable aleatoria β entorno a uno, tal como ilustra la Figura 2-2. Cuanto mayor es η_c (colores oscuros), menor es la dispersión de β entorno a uno, y por consiguiente, los descendientes se distribuyen entorno a sus progenitores ($h_1^i \rightarrow c_1^i$ y $h_2^i \rightarrow c_2^i$).

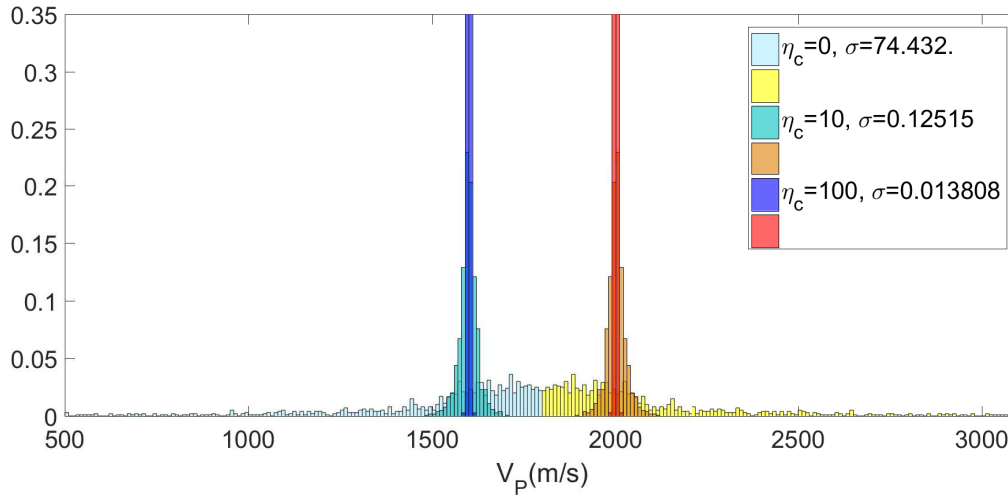


Figura 2-2: Distribución probabilística del cruce de C^1 y C^2 a lo largo del parámetro V_P . La probabilidad de que los descendientes h_i^1 y h_i^2 se acerquen, respectivamente a c_i^1 (1600 m/s) y c_i^2 (2000 m/s), depende del parámetro de cruce η_c .

2.5. Cruce Dinámico Heurístico (DHX: Dynamic Heuristic Crossover)

De acuerdo con Herrera *et al.* (2005), los cruces dinámicos heurísticos combinan las características de los cruces heurísticos, que buscan producir descendientes cercanos al mejor progenitor y cruces dinámicos, cuyo propósito es preservar la transición de la exploración a la explotación del espacio de búsqueda. De esta forma, la heurística en un DHX depende de la generación actual. En las primeras generaciones la heurística es débil, produciendo descendientes diversos y lejanos del mejor progenitor, posteriormente incrementa la heurística haciendo a los descendientes gradualmente más próximos al mejor progenitor.

2.5.1. Familias de funciones F, S y M

Si $[a, b]$ es el intervalo de búsqueda de uno de los parámetros que conforman un modelo, entonces para todo c, c' en $[a, b]$ es posible construir cruces cuya descendencia esté en uno de los intervalos de exploración $[a, \min(c, c')]$, $[\max(c, c'), b]$ o en el intervalo de explotación $(\min(c, c'), \max(c, c'))$. Herrera *et al.* (2005) proponen familias de funciones que, respectivamente, generan sucesiones en estos intervalos: $\mathcal{F} = \{F^t\}_{t=1}^{t=g_{\max}}$, $\mathcal{S} = \{S^t\}_{t=1}^{t=g_{\max}}$ y $\mathcal{M} = \{M^t\}_{t=1}^{t=g_{\max}}$, siendo t el número de generación. Estas funciones satisfacen las siguientes condiciones para todo $1 \leq t \leq g_{\max} - 1$:

$$F^t(c, c') \leq F^{t+1}(c, c') \text{ y } F^{g_{\max}}(c, c') \simeq \min(c, c') \quad (2-4)$$

$$S^t(c, c') \geq S^{t+1}(c, c') \text{ y } S^{g_{\max}}(c, c') \simeq \max(c, c') \quad (2-5)$$

$$M^t(c, c') \leq M^{t+1}(c, c') \text{ o } M^t(c, c') \geq M^{t+1}(c, c') \text{ y } M^{g_{\max}}(c, c') \simeq M_{\lim}(c, c') \quad (2-6)$$

La primera familia de funciones es creciente y se aproxima a $\min(a, b)$ y la segunda es decreciente y se aproxima a $\max(a, b)$. La tercera familia de funciones puede ser creciente o decreciente, por tanto se denomina a \mathcal{M}^- a la familia se aproxima a M_{\lim} por izquierda y \mathcal{M}^+ a la que se aproxima por derecha.

2.5.2. Conectores difusos paramétricos

Exploración

Como proponen Herrera *et al.* (2005), las familias de funciones \mathcal{F} y \mathcal{S} pueden construirse, respectivamente, a través de conectivos difusos paramétricos del tipo norma (T_q) y conorma (G_q). Particularmente, los operadores difusos de Dubois (norma $T^q(x, y)$ y conorma $G^q(x, y)$) presentados a continuación mostraron, en general, mayor desempeño que otros operadores difusos (Herrera *et al.*, 1996).

$$T^q(x, y) = \frac{xy}{x \vee y \vee q}; \quad G^q(x, y) = 1 - T^q(1 - x, 1 - y); \quad x, y, q \in [0, 1] \quad (2-7)$$

En donde, $a \vee b$ es el elemento maximal de a y b y $a \wedge b$, el minimal. La siguientes expresión muestra la norma parametrizada de Dubois en función de q .

$$T^q(x, y) = \begin{cases} \frac{xy}{x \vee y} = x \wedge y, & \text{si } q \leq x \vee y \\ \frac{xy}{q} < \frac{xy}{x \vee y} = x \wedge y, & \text{si } q > x \vee y. \end{cases}$$

Teniendo en cuenta que $(1 - x) \wedge (1 - y) = 1 - x \vee y$, es posible analizar a su vez la conorma

G^q como sigue

$$G^q(x, y) = \begin{cases} 1 - \frac{(1-x)(1-y)}{(1-x)\vee(1-y)} = 1 - (1-x) \wedge (1-y) = x \vee y & \text{si } q \leq 1 - x \wedge y \\ 1 - \frac{(1-x)(1-y)}{q} > 1 - \frac{(1-x)(1-y)}{(1-x)\vee(1-y)} = x \vee y & \text{si } q > 1 - x \wedge y. \end{cases}$$

El desarrollo anterior implica que $T^q(x, y) \leq \text{mín}(x, y)$ y $G^q(x, y) \geq \text{máx}(x, y)$. Si $C_1 = (c_1^{1t}, \dots, c_n^{1t})$ y $C_2 = (c_1^{2t}, \dots, c_n^{2t})$ son los progenitores seleccionados para el cruce, basta entonces establecer una correspondencia entre (c_i^{1t}, c_i^{2t}) y (x, y) , y entre q y t para construir cruces dinámicos. Haciendo $q = \delta_{\mathcal{F}} : t \rightarrow \delta_{\mathcal{F}}(t)$ una función decreciente, es posible crear una función en el intervalo de convergencia como sigue

$$F^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}) = a_i + (b_i - a_i)T^{\delta_{\mathcal{F}}(t)} \left(\frac{c_i^{1t} - a_i}{b_i - a_i}, \frac{c_i^{2t} - a_i}{b_i - a_i} \right), \quad (2-8)$$

que verifica las condiciones que expresa la Ecuación 2-4 dado que $q(t)$ es decreciente. La última condición se verifica siempre que exista un $t^* > 1$ para el que F^t converja a $\text{mín}(c_i^{1t}, c_i^{2t})$, es decir,

$$1 = \delta_{\mathcal{F}}(1) > \dots > \delta_{\mathcal{F}}(t) > \delta_{\mathcal{F}}(t+1) > \dots > \delta_{\mathcal{F}}(t^*);$$

tal que,

$$\begin{aligned} \delta_{\mathcal{F}}(t^*) &\leq \text{máx} \left(\frac{c_i^{1t^*} - a_i}{b_i - a_i}, \frac{c_i^{2t^*} - a_i}{b_i - a_i} \right) = \frac{\text{máx}(c_i^{1t^*}, c_i^{2t^*}) - a_i}{b_i - a_i} \Rightarrow T^{\delta_{\mathcal{F}}(t^*)} \left(\frac{c_i^{1t^*} - a_i}{b_i - a_i}, \frac{c_i^{2t^*} - a_i}{b_i - a_i} \right) = \\ &= \frac{\left(\frac{c_i^{1t^*} - a_i}{b_i - a_i} \right) \left(\frac{c_i^{2t^*} - a_i}{b_i - a_i} \right)}{\frac{c_i^{1t^*} - a_i}{b_i - a_i} \vee \frac{c_i^{2t^*} - a_i}{b_i - a_i}} = \text{mín} \left(\frac{c_i^{1t^*} - a_i}{b_i - a_i}, \frac{c_i^{2t^*} - a_i}{b_i - a_i} \right) = \frac{\text{mín}(c_i^{1t^*}, c_i^{2t^*}) - a_i}{b_i - a_i}. \end{aligned} \quad (2-9)$$

Por consiguiente, $F^t(c_i^1, c_i^2) = \text{mín}(c_i^{1t}, c_i^{2t})$ para todo $t \geq t^*$. Análogamente es posible construir la familia \mathcal{S} en términos de una función decreciente $\delta_{\mathcal{S}}(t)$, en general distinta a $\delta_{\mathcal{F}}(t)$, como sigue:

$$S^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}) = a_i + (b_i - a_i)G^{\delta_{\mathcal{S}}(t)} \left(\frac{c_i^{1t} - a_i}{b_i - a_i}, \frac{c_i^{2t} - a_i}{b_i - a_i} \right), \quad (2-10)$$

que análogamente verifica las condiciones que expresa la Ecuación 2-5 siempre que exista un t^{**} , tal que

$$\delta_{\mathcal{S}}(t^{**}) \leq \frac{b_i - \text{mín}(c_i^{1t^{**}}, c_i^{2t^{**}})}{b_i - a_i}. \quad (2-11)$$

En general, $t^* \neq t^{**}$, incluso cuando $\delta_{\mathcal{S}}(t) = \delta_{\mathcal{F}}(t)$.

Bajo los conectivos difusos de Dubois (Ecuación 2-7), la exploración del intervalo de búsqueda $[a_i, b_i]$, así como la convergencia hacia los valores $\text{mín}(c_i^{1t}, c_i^{2t})$ y $\text{máx}(c_i^{1t}, c_i^{2t})$, depende,

respectivamente, de la escogencia de las funciones $\delta_{\mathcal{F}}(t)$ y de $\delta_{\mathcal{S}}(t)$. Herrera *et al.* (1996) proponen $\delta_{\mathcal{F}}(t) = \delta_{\mathcal{S}}(t) = t^{-1/2}$, que a pesar de ser rápidamente convergente, su uso no garantiza la convergencia de F^t y S^t hacia $\min(c_i^{1t}, c_i^{2t})$ y $\max(c_i^{1t}, c_i^{2t})$, respectivamente. Por el contrario, la familia de funciones decrecientes:

$$\delta_{\mathcal{F}}(t) = \delta_{\mathcal{S}}(t) = \delta^\gamma(t) = \frac{t^\gamma - g_{\max}^\gamma}{1 - g_{\max}^\gamma} \quad (\gamma \neq 0), \quad (2-12)$$

satisface que $\delta^\gamma(t = g_{\max}) = 0$, es decir, $F^{g_{\max}} = \min(c_i^{1t}, c_i^{2t})$ y $S^{g_{\max}} = \max(c_i^{1t}, c_i^{2t})$. Adicionalmente, esta definición permite controlar la evolución de la exploración del cruce a través del parámetro γ . Por ejemplo, si $\gamma = -1/2$, la función de convergencia δ^γ se aproxima a $1/\sqrt{t}$, considerando que:

$$\begin{aligned} \delta^{-1/2} &= \frac{(1 - g_{\max}^{-1/2} + g_{\max}^{-1/2})t^{-1/2} - g_{\max}^{-1/2}}{1 - g_{\max}^{-1/2}} = t^{-1/2} + \frac{g_{\max}^{-1/2}}{1 - g_{\max}^{-1/2}}(t^{-1/2} - 1) \\ &= t^{-1/2} + (t^{-1/2} - 1)(g_{\max}^{-1/2} + g_{\max}^{-1} + g_{\max}^{-3/2} + \dots) \approx t^{-1/2} \quad (t \ll g_{\max}) \end{aligned} \quad (2-13)$$

Explotación

Si $C_1 = (c_1^{1t}, \dots, c_n^{1t})$ y $C_2 = (c_1^{2t}, \dots, c_n^{2t})$ son los progenitores que han sido seleccionados para el cruce, la familia de funciones \mathcal{M} se genera a través de operadores difusos, para cada uno de los n parámetros. De esta forma M^t constituye una sucesión en el intervalo de explotación ($\min(c_i^{1t}, c_i^{2t}), \max(c_i^{1t}, c_i^{2t})$) de la misma forma como las familias \mathcal{F} y \mathcal{S} lo son en el intervalo de exploración $[a_i, b_i] \setminus (\min(c_i^{1t}, c_i^{2t}), \max(c_i^{1t}, c_i^{2t}))$. Herrera *et al.* (1996, 2005) proponen el siguiente promedio parametrizado lógico

$$P^q(x, y) = qx + (1 - q)y, \quad x, y, q; \in [0, 1] \quad (2-14)$$

a través del cual se define las funciones de convergencia tipo M^t :

$$M^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}) = a_i + (b_i - a_i)P^{\delta_{\mathcal{M}}(t)}\left(\frac{c_i^{1t} - a_i}{b_i - a_i}, \frac{c_i^{2t} - a_i}{b_i - a_i}\right). \quad (2-15)$$

En términos de la función de convergencia $q = \delta_{\mathcal{M}}(t)$ se expresa como

$$\begin{aligned} M^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}) &= a_i + (b_i - a_i)\left(\delta_{\mathcal{M}}(t)\frac{c_i^{1t} - a_i}{b_i - a_i} + \frac{c_i^{2t} - a_i}{b_i - a_i}\right) \\ &= c_i^{2t} - \delta_{\mathcal{M}}(t)(c_i^{2t} - c_i^{1t}). \end{aligned} \quad (2-16)$$

Las condiciones iniciales para la convergencia propuestas (Herrera *et al.*, 1996) preservan la prelación dada a la exploración del intervalo de búsqueda en las primeras generaciones, en

otras palabras, la heurística es débil. La familia de funciones \mathcal{M} converge desde el promedio aritmético de $\frac{1}{2}(c_i^{1t} + c_i^{2t})$ ponderado $(1 - \lambda_f)c_i^{1t} + \lambda_f c_i^{2t}$. En dónde λ_f se define como :

$$\lambda_f = \frac{f(C_2)}{f(C_1) + f(C_2)}. \quad (2-17)$$

Siendo f la función de aptitud. De esta manera, M^t se acerca progresivamente al más apto de los progenitores C_1 y C_2 . Las condiciones anteriormente descritas implican condiciones iniciales de la función $\delta_{\mathcal{M}}$.

$$\begin{aligned} M^{t=1}(c_i^{1t}, c_i^{2t}) &= \frac{c_i^{1t} + c_i^{2t}}{2} = c_i^{2t} - \delta_{\mathcal{M}}(1)(c_i^{2t} - c_i^{1t}) \\ &\Rightarrow \delta_{\mathcal{M}}(1) = \frac{1}{2}. \\ M^{t=g_{max}}(c_i^{1t}, c_i^{2t}) &= (1 - \lambda_f)c_i^{1t} + \lambda_f c_i^{2t} = c_i^{2t} - \delta_{\mathcal{M}}(g_{max})(c_i^{2t} - c_i^{1t}) \\ &\Rightarrow \delta_{\mathcal{M}}(g_{max}) = 1 - \lambda_f. \end{aligned} \quad (2-18)$$

Toda función monótona que satisfaga las condiciones que la Ecuación 2-18 expresa, puede ser empleada como función $\delta_{\mathcal{M}}$. La función de convergencia $\delta_{\mathcal{M}}$ es creciente cuando $\lambda_f < 1/2$ y es decreciente en caso contrario. Suponiendo que C_1 es el progenitor más apto ($\lambda_f < 1/2$), se deduce las siguientes propiedades para la familia de funciones \mathcal{M} :

$$\delta_{\mathcal{M}}(t+1) > \delta_{\mathcal{M}}(t) \Rightarrow \begin{cases} M^{t+1}(c_i^{1t}, c_i^{2t}) < M^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}), & M \in \mathcal{M}^+ \quad \text{si } c_i^{1t} \leq c_i^{2t} \\ M^{t+1}(c_i^{1t}, c_i^{2t}) > M^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}), & M \in \mathcal{M}^- \quad \text{si } c_i^{2t} \leq c_i^{1t}. \end{cases} \quad (2-19)$$

La Tabla **2-5** muestra distintas funciones algunas de las cuales permiten controlar la evolución de la explotación del intervalo de búsqueda a través de un parámetro α , de la misma forma en la que se ha propuesto controlar la exploración a través del parámetro γ (Ecuación 2-12).

En su mayoría las funciones presentadas en la Tabla **2-5** poseen la forma:

$$\delta_{\mathcal{M}}^{\alpha}(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right) n_{\alpha}(t) + \frac{1}{2}. \quad (2-20)$$

Cabe mencionar algunas propiedades de estas funciones. Por ejemplo, se nota que la función polinómica paramétrica $P_{\alpha}(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right) (1 - \delta^{\gamma}) + \frac{1}{2}$ permite establecer una relación inversa entre las funciones exploración (Ecuación 2-12) y la explotación del intervalo de búsqueda. La segunda función paramétrica propuesta se justifica al considerar el siguiente razonamiento:

$$\begin{aligned} \lim_{\alpha \rightarrow 0} \frac{t^\alpha - 1}{g_{max}^\alpha - 1} &= \lim_{\alpha \rightarrow 0} \frac{\frac{d}{d\alpha}(t^\alpha - 1)}{\frac{d}{d\alpha}(g_{max}^\alpha - 1)} = \frac{\ln t}{\ln g_{max}} \lim_{\alpha \rightarrow 0} \frac{t^\alpha}{g_{max}^\alpha} \\ \lim_{\alpha \rightarrow 0} \frac{1}{g_{max}^\alpha} &\leq \lim_{\alpha \rightarrow 0} \frac{t^\alpha}{g_{max}^\alpha} \leq \lim_{\alpha \rightarrow 0} 1^\alpha \Rightarrow \lim_{\alpha \rightarrow 0} \frac{t^\alpha - 1}{g_{max}^\alpha - 1} = \frac{\ln t}{\ln g_{max}}. \end{aligned} \quad (2-21)$$

El resto de funciones presentadas en la Tabla **2-5** ofrecen alternativas para la convergencia hacia M_{\lim} .

Tabla 2-5: Prototipos de funciones $\delta_{\mathcal{M}}$

Función	Parámetro	Tipo
$P_\alpha(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right) \frac{t^\alpha - 1}{g_{max}^\alpha - 1} + \frac{1}{2}$	$\alpha \neq 0$	Polinomial
$LN_\alpha(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right) \left(\frac{\ln t}{\ln g_{max}}\right)^\alpha + \frac{1}{2}$	$\alpha > 0$	Logarítmica
$LNP_\alpha(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right) \left(\frac{t \ln t}{g_{max} \ln g_{max}}\right)^\alpha + \frac{1}{2}$	$\alpha > 0$	Logarítmica modificada
$A(t) = \frac{(2(1-\lambda_f))g_{max}^{-1}}{t-1}$	—	Potencial
$B(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right)(2g_{max}^{-1} - 1) + \frac{1}{2}$	—	Potencial II
$S_\alpha(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right) \sin\left(\frac{\pi}{2} \left(\frac{t-1}{g_{max}-1}\right)^\alpha\right) + \frac{1}{2}$	$\alpha > 0$	Sinusoidal
$E_\alpha(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right) \frac{\exp(\alpha(t-1)) - 1}{\exp(\alpha(g_{max}-1)) - 1} + \frac{1}{2}$	$\alpha > 0$	Exponencial
$C_\alpha(t) = \left(\frac{1}{2} - \lambda_f\right) \exp\left(\frac{\alpha}{g_{max}-1} - \frac{\alpha}{t-1}\right) + \frac{1}{2}$	$\alpha > 0$	Exponencial

2.5.3. Cruce dinámico heurístico

El cruce genera 2 tipos de descendientes $H_{1(2)} = (h_1^{1(2)t}, \dots, h_n^{1(2)t})$ a partir de dos progenitores $C_{1(2)} = (c_1^{1(2)t}, \dots, c_n^{1(2)t})$. Suponiendo que C_1 es el más apto de los progenitores y la t -ésima generación del GA, los componentes de los descendientes H_1 y H_2 se calculan así:

$$h_i^{1t} = \begin{cases} F^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}) & \text{si } c_i^{1t} \leq c_i^{2t} \\ S^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}) & \text{si } c_i^{1t} > c_i^{2t} \end{cases} \quad (2-22)$$

$$h_i^{2t} = M^t(c_i^{1t}, c_i^{2t}). \quad (1 \leq i \leq n) \quad (2-23)$$

El primero de los descendientes permite explorar el intervalo de búsqueda, mientras que el segundo lo permite explotar. Ambos son heurísticos en el sentido que ambos se acercan sucesivamente al progenitor más apto (C_1). Uno de los desarrollos del presente trabajo es el

control paramétrico de la dinámica exploración/explotación a través de la definición de las familias de funciones F^t , S^t y M^t .

2.6. Mutación Real

Los operadores de mutación, particularmente los que utilizan codificación real, comprenden tanto la forma específica de mutar un parámetros de un modelo, como la distribución de mutaciones en la población. El esquema de mutación *Clock Mutation* (Deb y Deb, 2014) distribuye eficientemente las mutaciones en una población y con los tipos de mutación polinomial y gaussiana, tiene mayor desempeño que otros esquemas de mutación.

2.6.1. Mutación polinomial

La mutación del tipo polinomial se define como sigue:

$$p' = \begin{cases} p + \delta_L(p - a_i), & \text{si } u \leq 0,5 \\ p + \delta_R(b_i - p), & \text{si } u > 0,5. \end{cases} \quad (2-24)$$

En donde p es el valor a mutar y p' el valor mutado del parámetro x_i ($1 \leq i \leq 3N$), u es un número generado aleatoriamente ($0 \leq u \leq 1$), (a_i, b_i) son las cotas inferior y superior del parámetro x_i . Los parámetros δ_L y δ_R se definen a continuación:

$$\delta_L = (2u)^{\frac{1}{1+\eta_m}} - 1 \quad (2-25)$$

$$\delta_R = 1 - (2(1 - u))^{\frac{1}{1+\eta_m}} \quad (2-26)$$

El parámetro no negativo η_m controla la dispersión de la mutación. El rango $[20, 100]$ es adecuado para la mayoría de casos estudiados en Deb y Deb (2014).

La Figura **2-3** muestra a manera de ejemplo el efecto de la mutación del parámetro correspondiente a la velocidad de onda P, de una capa, de un individuo de la población. Para valores de η_c cercanos a uno, la distribución es dispersa en torno al valor original (1800 m/s). A medida que η_c crece, la distribución de la mutación se acumula en torno al valor original (1800 m/s).

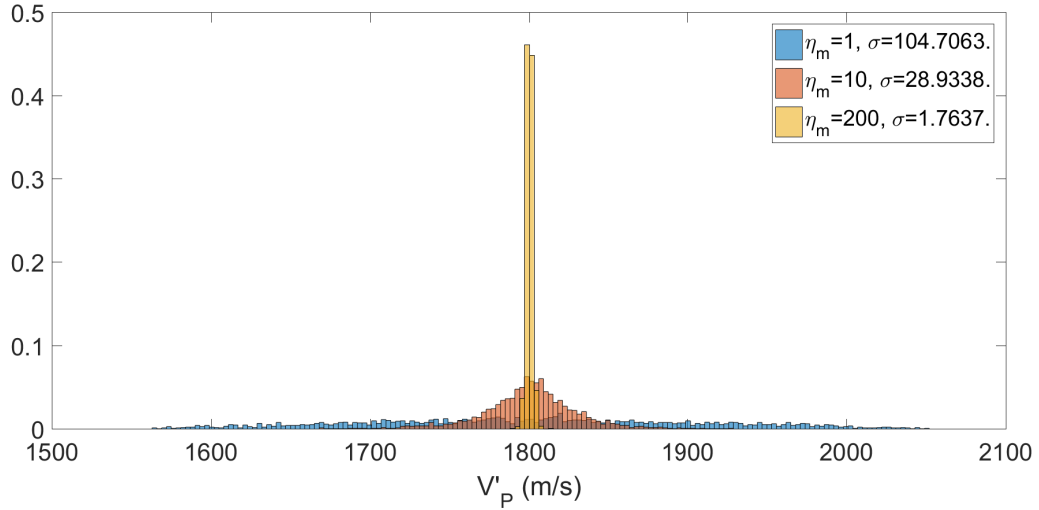


Figura 2-3: Distribución probabilística de la mutación del parámetro $V_P = 1800$ m/s. La dispersión de la mutación depende del parámetro η_m .

2.6.2. Distribución de mutaciones tipo Reloj (CM:Clock Mutation)

Este esquema de cruce se basa en la distribución de probabilidad polinomial que describe la probabilidad de que un evento vuelva a ocurrir:

$$p(t) = \lambda \exp(-\lambda t), \quad (2-27)$$

en donde λ es el inverso de la ocurrencia promedio de los eventos, es decir, p_m . Una vez un individuo muta, la ocurrencia de la próxima mutación se determina como sigue.

$$u = \int_{t=0}^{t=l} p_m \exp(-p_m t) dt = -[\exp(-p_m t)]_0^l = 1 - \exp(-p_m l) \quad (2-28)$$

$$l = \frac{1}{p_m} \ln \frac{1}{1-u} \quad (2-29)$$

A partir del parámetro l se define la siguiente mutación. Si el k -ésimo parámetro del i -ésimo individuo es mutado, el siguiente parámetro a mutar es el $((k + [l]) \bmod n)$ -ésimo del $((k + [l])/n)$ -ésimo individuo de la población contado a partir del individuo actual i . $n = 3N$ es el número total de parámetros.

2.7. Selección de reproductores

La selección natural darwiniana es el fundamento de todo esquema de selección: la descendencia $C'(t)$ debe heredar los genes de los individuos más aptos de la población parental

$C(t)$. Entre los esquemas de selección de reproductores los más ampliamente implementados son Stoffs y Sen (2013), Gen y Cheng (2000), Bäck *et al.* (2000):

- **Selección por clasificación.** Se ordena la población parental del mejor al peor individuo de acuerdo con su función aptitud. La probabilidad de que un modelo pase al conjunto de los reproductores se asigna a través de una función lineal o exponencial dependiente del lugar en la lista de clasificación (Gen y Cheng, 2000).
- **Selección por torneo.** Se escoge aleatoriamente un subconjunto (usualmente de 2 o 3), individuos de la población $P(t)$, se comparan las funciones de aptitud de ambos individuos. Se prefija una cantidad $P_s \leq 1$ (probabilidad de selección) que controla el paso del mejor modelo de este subconjunto al conjunto de reproductores. P_s se prefija en la implementación. El proceso se repite hasta que el número de reproductores coincida con $|P(t)|$.
- **Selección proporcional a la función aptitud².** La probabilidad de selección de un individuo para reproducirse se calcula a partir de la función aptitud. Cuando la función aptitud es de correlación, la probabilidad se define como:

$$p_i = \frac{f(\mathbf{x}_i)}{\sum_{j=1}^N f(\mathbf{x}_j)} \quad (2-30)$$

Como demuestran Blickle y Thiele (1997), la selección de torneo tiene una intensidad de selección equivalente a la selección clasificación y a otros tipos de selección bajo una escogencia adecuada de parámetros. Incluso, para un conjunto de parámetros la selección por clasificación tiene una distribución idéntica a la selección por torneo (Goldberg y Deb, 1991, Blickle y Thiele, 1997).

Con la progresión del algoritmo genético, bajo el esquema de selección proporcional a la función de aptitud, la población se va conformando de individuos con cada vez mejor función de aptitud en menoscabo de la diversidad. Esta uniformización de la población da lugar a tasas de reproducción cercanas a 1 ($p_i = 1/N$). Además, según muestra Goldberg y Deb (1991), este esquema posee una convergencia lenta y una alta complejidad lenta que los hace el menos recomendable de los esquemas de selección.

2.7.1. Selección de reproductores tipo SA

Simulated Annealing

La técnica de Simulated Annealing (traducido al español como *enfriamiento o templado simulado*) emula el análisis que la mecánica estadística hace del enfriamiento en sólidos y

²Denominada también *Roulette Wheel selection*.

líquidos. En este proceso las partículas (átomos o moléculas) inicialmente se encuentran en estados excitados de energía distribuidas aleatoriamente en fase líquida (alta temperatura). Posteriormente, ocurre un lento enfriamiento hasta la fase sólida. Cada una de las partículas se enfría lentamente hasta alcanzar un estado base de energía mínima. La distribución de probabilidad de energía está dada por la distribución de Gibbs:

$$P(E_i) = \frac{\exp(-\frac{E_i}{k_B T})}{\sum_{j \in S} \exp(-\frac{E_j}{k_B T})}. \quad (2-31)$$

En donde k_B es la constante de Boltzmann, S todas las posibles configuraciones de estados y T la temperatura.

La transición del proceso SA hacia el estado de mínima energía, permite utilizarlo para minimizar la función de error (maximizar la función aptitud o correlación con los datos reales) en el espacio multiparamétrico de búsqueda. Para ello basta con hacer $E_i = E(\mathbf{x}_i) = -f(\mathbf{x}_i)$. Normalizando $k_B = 1$, se puede obtener una expresión híbrida de la Ecuación 2-30 y SA (Stoffa y Sen, 2013):

$$p_i = \frac{\exp(f(\mathbf{x}_i)/T)}{\sum_{j=1}^N \exp(f(\mathbf{x}_j)/T)}. \quad (2-32)$$

La función del parámetro T en la anterior expresión es el de exagerar las diferencias de la función aptitud cuando la temperatura es baja o de atenuarlas, en caso contrario. Haciendo T una función decreciente con el número de generación es posible superar la pérdida de diversidad propia de la selección proporcional a la función aptitud.

2.8. Autoadaptabilidad

Según proponen Fang y Yang (2015), la autoadaptabilidad busca evitar la convergencia prematura y aumentar la diversidad genética modificando las funciones de aptitud, las probabilidades de cruce y los intervalos de búsqueda. La función logística Ecuación 2-33 penaliza individuos con valores de aptitud similares y cercanos en el espacio de búsqueda. Puede escogerse cualquier otra función sigmoide con las mismas características.

$$g(d) = \frac{1}{1 + \exp(-a(d - c))} \quad (2-33)$$

El parámetro a controla la curvatura o gradiente con que la función se aproxima a 1 y c es un parámetro de corrimiento de la función. Esta función se aproxima a la función de Heaviside cuando $a \rightarrow \infty$. Según Fang y Yang (2015), $c = 0,5d_{\text{máx}}$ (siendo $d_{\text{máx}}$ la distancia máxima)

y $a = 5$ son valores recomendables para penalizar la baja diversidad genética.

La distancia relativa entre individuos se define como sigue:

$$d(C_1, C_2) = d_{12} = \sqrt{\sum_{i=1}^n \left(\frac{c_i^1 - c_i^2}{b_i - a_i} \right)^2} \quad (2-34)$$

En donde $C_1 = (c_1^1, \dots, c_n^1)$ y $C_2 = (c_1^2, \dots, c_n^2)$ son dos individuos y (a_i, b_i) el intervalo de búsqueda del i -ésimo parámetro.

2.8.1. Función de aptitud autoadaptativa

Para evitar la pérdida de diversidad provocada por la mayoría de esquemas de selección, particularmente por la selección proporcional a la función de aptitud, se selecciona el individuo más apto (C_b). Posteriormente se calcula la distancia relativa (d_{ib}) entre este individuo y los otros individuos C_i de la población. Se asignan nuevos valores de aptitud multiplicando los valores antiguos por la función logística: $f'(C_i) = f(C_i)g(d_{ib})$.

Este proceso atenúa los valores de aptitud cercanos al mejor individuo permitiendo seleccionar individuos menos aptos y más diversos.

2.8.2. Probabilidad de cruce autoadaptativa

Usualmente la probabilidad de aceptación de un cruce es estática y no depende de los reproductores seleccionados para reproducirse. A través de la autoadaptabilidad es posible disminuir la probabilidad de cruce de individuos que estén relativamente cerca en el intervalo de búsqueda. Dados dos progenitores C_1 y C_2 , la probabilidad de cruce $p'_c = p_c g(d(C_1, C_2))$. Esta modificación favorece la reproducción exogámica.

3 Marco teórico II: Modelamiento directo e inversión elástica

En el apartado precedente se estudiaron las técnicas de optimización que pueden ser empleadas en el desarrollo de un algoritmo de inversión. A continuación se presentan las herramientas teóricas adicionales para desarrollar un algoritmo de inversión consistente con el método sísmico. *grosso modo* el método de modelamiento directo para generar trazas sintéticas. Finalmente, se revisan las ecuaciones de Biot y Gassmann que gobiernan el tratamiento geofísico de los resultados.

3.1. Modelamiento directo

3.1.1. Ecuaciones de Zoeppritz

Considérese la superficie plana que separa dos medios con diferentes propiedades elasto-mecánicas (densidad, velocidad de onda P, velocidad de onda S): ρ_1 , V_{P1} y V_{S1} , para el medio suprayacente; ρ_2 , V_{P2} y V_{S2} , para el medio subyacente. La figura **3-1** presenta dos capas homogéneas, elásticas e isotrópicas en contacto¹. Sobre la interfase incide una onda plana P cuya dirección de propagación forma un ángulo θ_1 con la vertical y está contenida en un plano (plano de incidencia). La incidencia de la onda P en la superficie resulta en reflexiones y transmisiones tanto de ondas P como de ondas S². Todas las trayectorias de las ondas reflejadas y transmitidas están en el plano de incidencia.

K. B. Zoeppritz en 1919 dedujo el conjunto de ecuaciones que relacionan las amplitudes de las reflexiones y transmisiones que se muestran en la figura **3-1**. De acuerdo con (Mavko y Mukerji, 2009) se puede escribir como:

$$R_{PP} = \left[\left(b \frac{\cos \theta_1}{V_{P1}} - c \frac{\cos \theta_2}{V_{P2}} \right) F - \left(a + d \frac{\cos \theta_1}{V_{P1}} \frac{\cos \phi_2}{V_{S2}} \right) H p^2 \right] / D \quad (3-1)$$

¹Se suele decir, además, que estas dos capas del subsuelo son semiinfinitas. Este enunciado equivale a aseverar que las ondas que se propagan en las capas son planas.

²A la reflexión en forma de onda transversal, onda S, se le conoce como onda convertida.

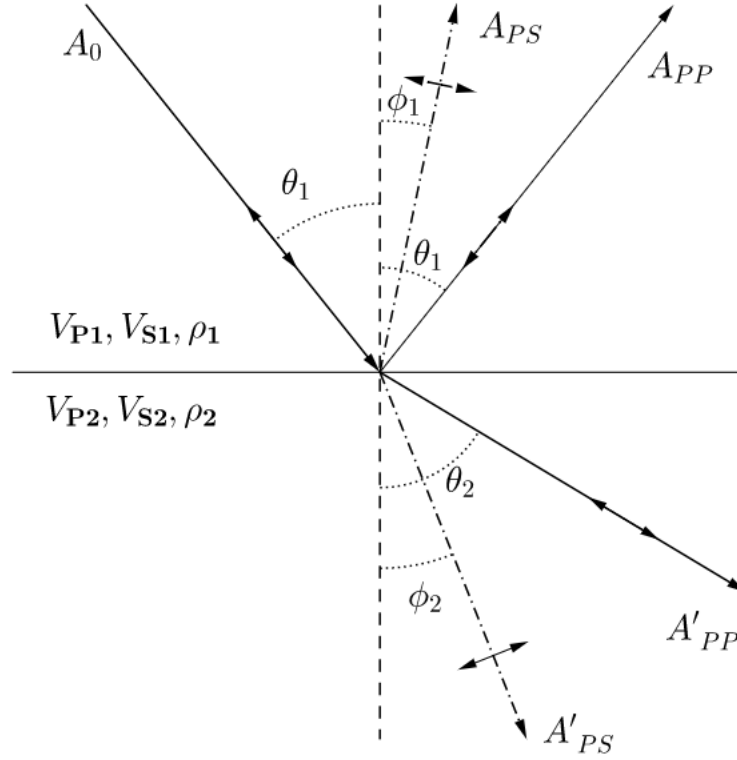


Figura 3-1: Reflexiones y transmisiones de una onda P incidente sobre la interfase plana que separa dos capas del subsuelo. El diagrama muestra la dirección de propagación, el ángulo con la normal y las amplitudes de cada una de las ondas.

En donde,

$$\begin{aligned}
 a &= \rho_2(1 - 2 \sin^2 \phi_2) - \rho_1(1 - 2 \sin^2 \phi_1) & c &= \rho_1(1 - 2 \sin^2 \phi_1) + 2\rho_2 \sin^2 \phi_2 \\
 b &= \rho_2(1 - 2 \sin^2 \phi_2) + 2\rho_1 \sin^2 \phi_1 & d &= 2(\rho_2 V_{S2}^2 - \rho_1 V_{S1}^2) \\
 D &= \left(b \frac{\cos \theta_1}{V_{P1}} + c \frac{\cos \theta_2}{V_{P2}} \right) F + \left(a - d \frac{\cos \theta_1}{V_{P1}} \frac{\cos \phi_2}{V_{S2}} \right) H p^2 & F &= b \frac{\cos \phi_1}{V_{S1}} + c \frac{\cos \phi_2}{V_{S2}} \\
 p &= \frac{\sin \theta_1}{V_{P1}} = \frac{\sin \theta_2}{V_{P2}} = \frac{\sin \phi_1}{V_{S1}} = \frac{\sin \phi_2}{V_{S2}} & H &= a - d \frac{\cos \theta_2}{V_{P2}} \frac{\cos \phi_1}{V_{S1}}
 \end{aligned}$$

Considerando pequeñas variaciones de los parámetros elastomecánicos, el coeficiente de reflexión R_{PP} (Aki y Richards, 2002) adquiere una dependencia funcional mucho más sencilla que su forma matricial.

$$R_{PP}(\theta) = R_0 + \left(\frac{\Delta V_P}{2V_P} - 2 \frac{V_S^2}{V_P^2} \left(\frac{\Delta \rho}{\rho} + 2 \frac{\Delta V_S}{V_S} \right) \right) \sin^2 \theta + \frac{\Delta V_P}{2V_P} (\tan^2 \theta - \sin^2 \theta) \quad (3-2)$$

donde

$$\rho = \frac{\rho_2 + \rho_1}{2}; \quad V_P = \frac{V_{P2} + V_{P1}}{2}; \quad V_S = \frac{V_{S2} + V_{S1}}{2}; \quad \theta = \frac{\theta_2 + \theta_1}{2}; \quad (3-3)$$

$$\Delta\rho = \rho_2 - \rho_1; \quad \Delta V_P = V_{P2} - V_{P1}; \quad \Delta V_S = V_{S2} - V_{S1} \quad . \quad (3-4)$$

R_{PP} es el coeficiente de reflexión de onda P y se define como el cociente $\frac{A_{PP}}{A_0}$. Las condiciones bajo las cuales es válida la expresión para el coeficiente de reflexión de onda P deducida por Aki y Richards (3-2) se listan a continuación:

- Las variaciones relativas de los parámetros elastomecánicos ($\Delta\rho/\rho, \Delta V_P/V_P, \Delta V_S/V_S$) deben ser menores que uno;
- Si $V_{P2} > V_{P1}$, existe un ángulo de incidencia crítico $\theta_{1C} = \sin^{-1}(\frac{V_{P1}}{V_{P2}})$ tal que el coeficiente de transmisión A'_{PP} es cero para todo $\theta_1 > \theta_{1C}$. El ángulo de incidencia debe ser menor que el ángulo crítico.
- El ángulo de incidencia no debe ser cercano a 90° .

Recepción oblicua de la onda sísmica

El uso de geófonos unidireccionales es todavía muy extendido en adquisiciones 2D y 3D dada la complejidad para procesar sísmica de tres componentes. Convencionalmente, la información sísmica se procesa bajo la suposición de que los geófonos verticales detectan todo el campo de onda P. Sin embargo, tal como ilustra la figura **3-2** Los geófonos son sensibles al movimiento vertical del subsuelo, es decir, a la proyección vertical del movimiento generado por las onda sísmica incidente.

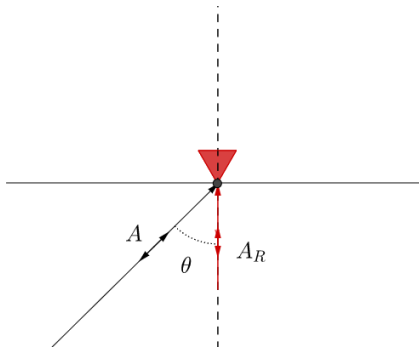


Figura 3-2: Incidencia oblicua de la onda sísmica sobre el geófono vertical en rojo.

De acuerdo con la Figura **3-2**, la corrección que debe efectuarse es:

$$A = \frac{A_R}{\cos \theta} \quad (3-5)$$

En donde A_R es la amplitud registrada por el geófono y A la amplitud de la onda P incidente.

Mediante los métodos de trazado de rayos, se calculan los ángulos de emergencia e incidencia de las ondas P tanto en los reflectores como en la superficie. Para ello es necesario aplicar previamente un flujo de procesamiento convencional que suministre un modelo de velocidades (Yilmaz, 2001).

3.2. Consistencia pozo-sísmica

Los registros de pozo son utilizados en la construcción de modelos de velocidad de onda P, en la identificación y clasificación de formaciones y unidades, y para la sustitución de fluidos (Smith y Sondergeld, 2003). Adquiridos a altas frecuencias, estos registros suelen transformarse mediante el remuestreo de la señal de tal manera que coincida con la resolución de las trazas sísmicas. No obstante, no se suele tener en cuenta los fenómenos físicos que ocurren en las rocas en este rango de frecuencias. La discriminación de fluidos a través de una inversión AVA requiere un tratamiento consistente de los registros de pozo con el rango sísmico.

Liner (2014) señala la importancia de la teoría de Backus para estimar la velocidad de onda P y S que detectaría una onda con un ancho de banda menor a la de los registros de pozo. De esta manera, Backus establece la equivalencia entre el medio anisotrópico equivalente, registrado en el rango sísmico y un medio estratificado de capas planas, delgadas e isotrópicas que es detectado por el registro de pozo. Las ecuaciones que expresan tal relación se escriben a continuación.

$$V_{PB} = \left(\langle \rho \rangle \left\langle \frac{1}{\lambda + 2\mu} \right\rangle \right)^{-\frac{1}{2}} V_{SB} = \left(\langle \rho \rangle \left\langle \frac{1}{\mu} \right\rangle \right)^{-\frac{1}{2}} \quad (3-6)$$

En donde $\langle \rangle$ denotan el promedio en una ventana de longitud λ_B igual a la menor longitud de onda que la onda sísmica puede detectar. Siendo V_{PB} y V_{SB} los promedios de Backus de la velocidad de onda P y la velocidad de onda S. ρ es el registro de densidad y μ y λ son respectivamente el módulo de cizalla y la constante de Lamé resultado de operar los registros de pozo sísmicos y de densidad. De esta forma; es posible obtener un registro de pozo asociado al rango de frecuencias de la sísmica ($\approx 125\text{Hz}$). Utilizando las ecuaciones de Kjartansson es posible calcular el factor de atenuación Q inducido por el medio estratificado:

$$Q = \cot \left(\frac{\pi \log(V/V_B)}{\log(V/V_B) + \log(\lambda/\lambda_B)} \right) \quad (3-7)$$

A pesar de que estas expresiones son válidas para determinar el coeficiente de atenuación inducido por un modelo de capas planas, delgadas y anisotrópicas, no se tiene en cuenta el papel de la presencia de fluidos en la atenuación de onda. Este papel lo provee en las ecuaciones de Biot (1956) que predicen la existencia simultánea de ondas P y S de baja (alta) frecuencia altamente (poco) atenuadas.

4 Procedimiento

Esta sección describe los detalles del diseño de los algoritmos de optimización propuestos y su prueba en modelos sintéticos. Adicionalmente, describe las particularidades para inversión sísmica de registros reales a través de GA's, incluyendo el flujo de procesamiento aplicado a los registros sísmicos y de pozos.

4.1. Implementación del algoritmo

La plataforma MATLAB[®] de MathWorks[®] dispone de lenguaje de programación de alto nivel caracterizado por poseer una sintaxis sencilla para escribir operaciones matemáticas complejas. Además, posee una gran cantidad de paquetes cuyas funciones son de gran utilidad en la implementación de algoritmos genéticos. El carácter matricial del lenguaje permite que la escritura de las secuencias de un programa sea más compacta. SegyMAT[©] y CREWES[©] son paquetes para lectura de y visualización de registros sísmicos escritos en MATLAB[®]. Por estas razones, MATLAB[®] es un lenguaje de programación ideal para la implementación de GA's clásicos e híbridos para inversión sísmica *pre-stack*.

4.2. Esquema específico del algoritmo genético

Este apartado describe la aplicación general de cada una de las fases de un algoritmo genético a la inversión sísmica preapilado, que aparecen en la Figura 4-1, haciendo énfasis en la codificación binaria. Describe el espacio de búsqueda en relación a los métodos de modelado directo para generar registros sintéticos.

4.2.1. Espacio de búsqueda

Las ecuación de Aki-Richards (Ecuación 3-2) expresan el coeficiente de reflectividad PP como función de tres parámetros por capa, a saber, V_P , V_S y ρ . Luego, los intervalos de búsqueda de un total de tres $3N$ parámetros conforman el espacio de búsqueda que corresponde a un

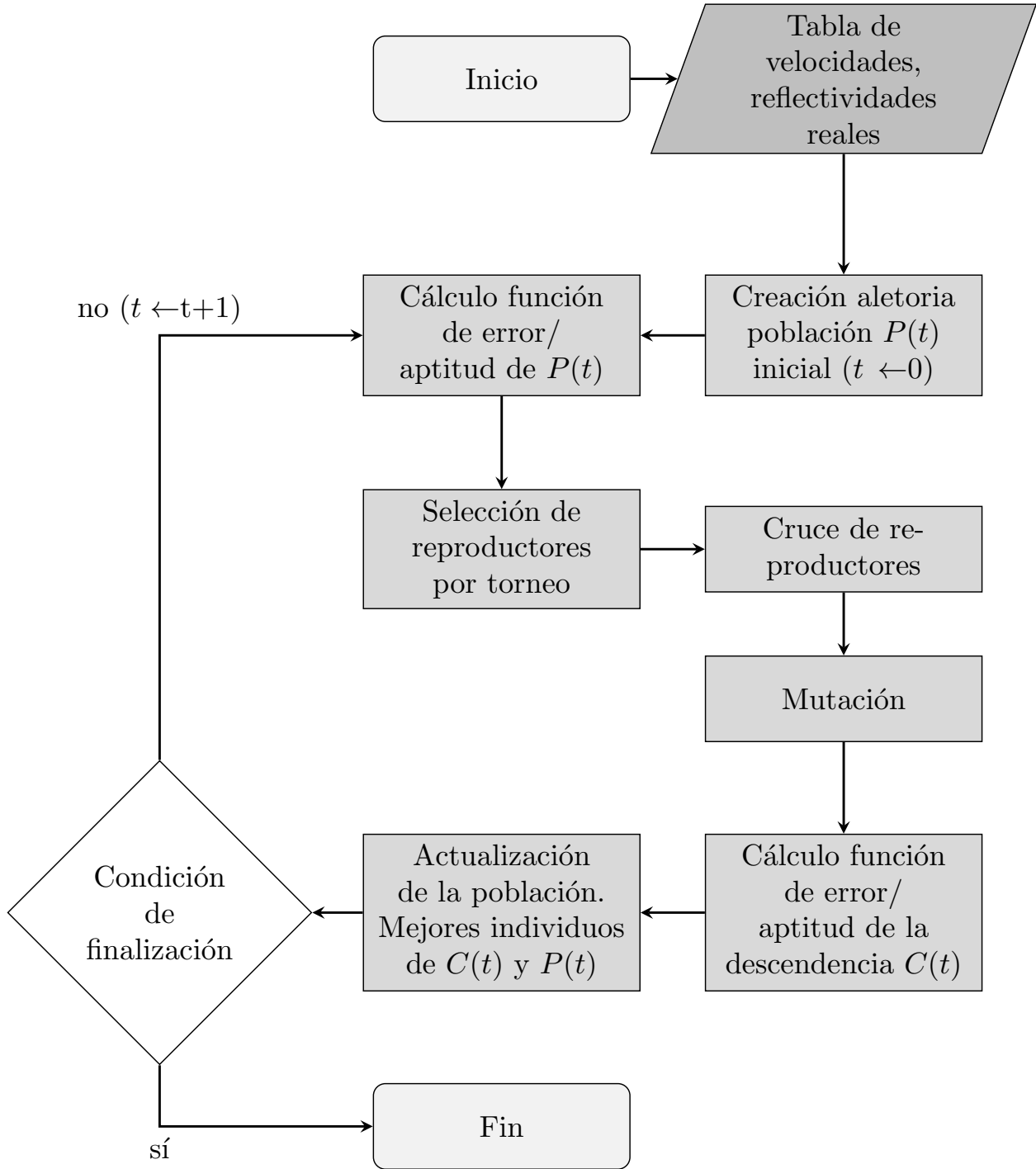


Figura 4-1: Esquema de funcionamiento de los algoritmos genéticos utilizados aplicados al problema de inversión de registros sísmicos.

modelo de N capas. Dada la restricción procedente de la teoría de elasticidad $V_P \geq \sqrt{2}V_S^1$, es recomendable expresar la ecuación de Aki-Richards en términos de parámetros independientes (V_P, α, ρ) :

$$R_{PP}(\bar{\theta}) = \frac{1}{2} \left(\frac{\Delta\rho}{\bar{\rho}} + \frac{\Delta V_P}{\bar{V}_P} \right) - \alpha \left(\frac{\Delta\rho}{2\bar{\rho}} + \frac{\Delta V_P}{\bar{V}_P} + \frac{\Delta\alpha}{2\bar{\alpha}} \right) \sin^2(\bar{\theta}) + \frac{\Delta V_P}{2\bar{V}_P} \tan^2 \bar{\theta} \quad (4-1)$$

En donde $\alpha = 4(V_S/V_P)^2$. Este parámetro es directamente proporcional al coeficiente de Poisson el límites $0 < \alpha < 3$ (relación equivalente a $-1 < \sigma < \frac{1}{2}$).

Cada modelo local del subsuelo (en una posición de CDP) se expresa entonces como un vector $3N$ dimensional.

$$C = (V_{P,1}, \dots, V_{P,N}, \alpha_1, \dots, \alpha_N, \rho_1, \dots, \rho_N). \quad (4-2)$$

El rango de cada uno de estos parámetros debe acotarse consistentemente con los valores de referencia de las capas del subsuelo en la zona en consideración. La definición de los intervalos de búsqueda requiere un valor de referencia por capa y la magnitud del semi intervalo así

$$a_i = x_i^0 - \delta x_i, \quad b_i = x_i^0 + \delta x_i. \quad (i = 1, \dots, 3N) \quad (4-3)$$

La información de pozo permite establecer la magnitud de los valores de referencia (x_i^0) y la magnitud de los semi intervalos (δx_i)². En ausencia de información de pozos, es necesario hacer uso de la función procedente del análisis de velocidades necesarias para realizar la corrección NMO. Esta función de velocidades de apilado, está definida para cada uno de los $N - 1$ reflectores: $V_{rms}(twt_i)$ ($1 \leq i \leq N - 1$). La fórmula de Dix (Yilmaz, 2001) permite establecer valores de referencia de la onda compresional V_P^0 para la i -ésima capa como sigue:

$$V_{P(i)}^0 = \sqrt{\frac{V_{rms}^{2(i)}twt_i - V_{rms}^{2(i-1)}twt_{i-1}}{twt_i - twt_{i-1}}} \quad (i = 2, \dots, N - 1). \quad (4-4)$$

Esta fórmula es válida para las capas planas, horizontales y paralelas que suprayacen el reflector más profundo y que subyacen el primer reflector. Para establecer los extremos de la función de la velocidad de referencia V_P^0 , es suficiente hacer:

$$V_{P,1}^0 = V_{rms}^{(1)} \quad V_{P,N}^0 = V_{P,N-1}^0. \quad (4-5)$$

4.2.2. Codificación binaria

Los operadores genéticos binarios necesitan una codificación de los intervalos de búsqueda. El intervalo $[a_i, b_i]$, representa el espacio de búsqueda del parámetro x_i , y representa cualquiera de los parámetros V_P, α, ρ . La partición de este intervalo en $M - 1$ segmentos, de igual

¹Válida para las magintudes de velocidad de propagación de ondas sísmica en la fase sólida de la roca.

²Véase el apartado de procesamiento de registro de pozos.

tamaño, generan M puntos dentro de este intervalo. Estos puntos son los M posibles valores que el parámetro x_i puede tomar. En el modelo solución, el parámetro x_i estará dentro de este intervalo.

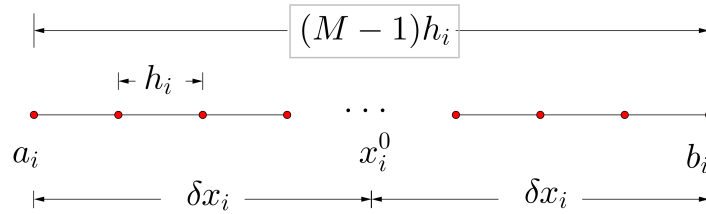


Figura 4-2: Espacio de búsqueda del parámetro x en términos de sus valores extremos a_i , b_i , el valor de referencia x^0 y el semi intervalo δx_i .

De acuerdo con la Figura 4-2, el ancho de cada segmento es igual a:

$$h_i = \frac{b_i - a_i}{M - 1} = \frac{2\delta x_i}{M - 1} \quad (4-6)$$

Todo $x_{i,j}$ perteneciente al conjunto de M puntos, $\{x_{i,j}\}_{j=0}^{j=M-1}$, tendrá la forma

$$x_{i,j} = a_i + jh_i \quad (4-7)$$

Los puntos extremos satisfacen: $x_{i,0} = a_i$ y $x_{i,M-1} = b_i$. Donde, la ecuación establece una correspondencia entre el entero j y el valor del i -ésimo parámetro. La codificación de los M puntos del intervalo $[a_i, b_i]$ la determina esta relación de correspondencia $j \rightarrow x_{i,j}$. De esta forma $x_{i,j}$ utiliza la codificación binaria asociada al entero j .

La Tabla 4-1 muestra la codificación binaria asociada del i -ésimo parámetro en codificación en el intervalo $[a_i, b_i]$.

Para codificar los primeros 2^{N_b} enteros no negativos basta con N_b bits. El número de bits utilizados en la codificación debe cubrir todos los M elementos. Esto es, que no queden cadenas binarias asociadas a números enteros que correspondan a elementos por fuera del intervalo

Tabla 4-1: Codificación intervalo de búsqueda del parámetro x .

x	Entero asociado	Base 2
$x_{i,0}(a_i)$	0	000...000
\vdots	\vdots	\vdots
$x_{i,j}$	j	$\underbrace{101 \cdots 011}_{N_b \text{ bits}}$
\vdots	\vdots	\vdots
$x_{i,M-1}(b_i)$	$M - 1$	111...111

$[a_i, b_i]$, cadenas binarias que pueden resultar de cruces o mutaciones que no corresponden a soluciones reales. $M = 2^{N_b}$ satisface la anterior exigencia. Así, para 6 bits, $x_{i,0} = 000000$ y $x_{i,M-1} = 111111$ permite escoger, en este intervalo, $2^6 - 1 = 63$ valores para el parámetro x_i .

Haciendo j una variable aleatoria discreta distribuida uniformemente entre $[0, M - 1]$ resulta en un subconjunto de valores aleatorios del parámetro x_i de cualquier tamaño, generando de esta forma la población inicial de individuos.

Parámetros específicos de codificación

Por simplicidad se particionan los intervalos de búsqueda de todas las capas de manera semejante diferenciando solo los parámetros por capa V_P , α y ρ . Para ello, basta definir

$$h_i = \begin{cases} h_P & \text{si } 1 \leq i \leq N \\ h_\alpha & \text{si } N + 1 \leq i \leq 2N \\ h_\delta & \text{si } 2N + 1 \leq i \leq 3N \end{cases} \quad (4-8)$$

Con definiciones análogas de semilongitudes iguales para cada capa: δV_P , δV_S y $\delta \rho$, la Ecuación 4-7 para V_P , α y ρ , de la i -ésima capa del subsuelo, se escribe como sigue:

$$V_{P,i,j} = V_{P,i}^0 - \delta V_P + 2h_P j = V_{P,i}^0 - \delta V_P + \frac{2\delta V_P}{M-1} j \quad (4-9)$$

$$\alpha_{i,j} = \alpha_i^0 - \delta \alpha + 2h_\alpha j = \alpha_i^0 - \delta \alpha + \frac{2\delta \alpha}{M-1} j \quad (4-10)$$

$$\rho_{i,j} = \rho_i^0 - \delta \rho + 2h_\rho j = \rho_i^0 - \delta \rho + \frac{2\delta \rho}{M-1} j \quad (4-11)$$

La Tabla 4-2 ilustra la correspondencia establecida por las Ecuaciones (4-9) a (4-11) entre la representación decimal, los vectores de números enteros y la codificación binaria. De acuerdo con lo descrito en párrafos precedentes, $M = 2^{N_b}$.

Tabla 4-2: Correspondencia entre los vectores fila de enteros y los modelos C_1 y C_2 de dos capas (Ecuaciones (4-9) a (4-11)) . En código Binario reflejado (Gray) aparecen codificados los enteros para cada modelo con $N_b = 4$. En donde $V_P^0 = 1800$ m/s, $\delta V_P = 300$ m/s, $\alpha^0 = 1,275$, $\delta\alpha = 1,275$, $\rho^0 = 2000$ g/cm³ y $\delta\rho = 600$ g/cm³. para ambas capas.

Representación	Modelo	V_{P1}	V_{P2}	α_1	α_2	ρ_1	ρ_2
Enteros	$\begin{bmatrix} C_1 \\ C_2 \end{bmatrix}$	$\begin{bmatrix} 7 & 3 & 10 & 4 & 12 & 1 \\ 3 & 10 & 6 & 0 & 11 & 1 \end{bmatrix}$					
Decimal	$\begin{bmatrix} C_1 \\ C_2 \end{bmatrix}$	$\begin{bmatrix} 1780 & 1620 & 1,7 & 0,68 & 2360 & 1480 \\ 1620 & 1900 & 1,02 & 0 & 2280 & 1480 \end{bmatrix}$					
Binario	$\begin{bmatrix} C_1 \\ C_2 \end{bmatrix}$	$\begin{bmatrix} 0100 & 0010 & 1111 & 0110 & 1010 & 0001 \\ 0010 & 1111 & 0101 & 0000 & 1110 & 0001 \end{bmatrix}$					

4.3. Esquemas de cruce implementados en codificación binaria

La codificación en base 2 explicada en la sección precedente permite definir diferentes tipos de esquemas de cruce basados en los tres esquemas sencillos explicados en el apartado teórico (Sección 2.3). Las tablas 4-3 y 4-4 ejemplifican siete cruces implementados en el modelo de dos capas de la Tabla 4-2 inversión sísmica.

Tabla 4-3: Esquemas de cruce implementados. Los bits y las barra laterales ”|” que aparecen en rojo indican límites de los segmentos intercambiados en cada cruce. Los bits en fuente azul indican las posiciones de intercambio. La doble barra lateral ”||” separa las posiciones de bits correspondientes a distintos parámetros según el tipo de cruce.

Descripción	Esquema ejemplo $X = (V_{P1}, V_{P2}, \alpha_1, \alpha_2, \rho_1, \rho_2)$
Cruce simple una posición por modelo (C1)	$C_1 = 0100001 01111011010100001$ $C_2 = 0010111 10101000011100001$ $H_1 = 0100001 10101000011100001$ $H_2 = 0010111 01111011010100001$ $\begin{bmatrix} H_1 \\ H_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0100 & 0011 & 0101 & 0000 & 1110 & 0001 \\ 0010 & 1110 & 1111 & 0110 & 1010 & 0001 \end{bmatrix} =$ $\begin{bmatrix} 7 & 2 & 6 & 0 & 11 & 1 \\ 3 & 11 & 10 & 4 & 12 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1780 & 1580 & 1,02 & 0 & 2280 & 1480 \\ 1620 & 2280 & 1,7 & 0,68 & 2360 & 1480 \end{bmatrix}$
Cruce dos puntos por modelo (C2)	$C_1 = 01000010 1111011 010100001$ $C_2 = 00101111 0101000 011100001$ $H_1 = 00101111 1111011 011100001$ $H_2 = 01000010 0101000 010100001$ $\begin{bmatrix} H_1 \\ H_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0010 & 1111 & 1111 & 0110 & 1110 & 0001 \\ 0100 & 0010 & 0101 & 0000 & 1010 & 0001 \end{bmatrix} =$ $\begin{bmatrix} 3 & 10 & 10 & 4 & 11 & 1 \\ 7 & 3 & 6 & 0 & 12 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1620 & 1900 & 1,7 & 0,68 & 2280 & 1480 \\ 1780 & 1620 & 1,02 & 0 & 2360 & 1480 \end{bmatrix}$
Un número aleatorio de posiciones de bit se intercambian (C3)	$C_1 = 010000101111011010100001$ $C_2 = 001011110101000011100001$ $H_1 = 000010101101010010100001$ $H_2 = 011001110111001011100001$ $\begin{bmatrix} H_1 \\ H_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0000 & 1010 & 1101 & 0100 & 1010 & 0001 \\ 0110 & 0111 & 0111 & 0010 & 1110 & 0001 \end{bmatrix} =$ $\begin{bmatrix} 0 & 12 & 9 & 7 & 12 & 1 \\ 4 & 5 & 6 & 3 & 11 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1500 & 1980 & 1,53 & 1,19 & 2360 & 1480 \\ 1660 & 1700 & 1,02 & 0,51 & 2280 & 1480 \end{bmatrix}$
Cruce uniforme. (C4)	

Tabla 4-4: Esquemas de cruce implementados II. Los bits y las barra laterales ”|” que aparecen en rojo indican límites de las segmentos intercambiados en cada cruce. La doble barra lateral ”||” separa las posiciones de bits correspondientes a distintos parámetros según el tipo de cruce.

Descripción	Esquema ejemplo $X = (V_{P1}, V_{P2}, \alpha_1, \alpha_2, \rho_1, \rho_2)$
Cruce simple, una posición aleatoria de cruce para V_P, α, ρ . Las tres posiciones son distintas entre sí (C5).	$C_1 = 01 000100 1111 0110 1010000 1$ $C_2 = 00 101111 0101 0000 1110000 1$ $H_1 = 01 101111 1111 0000 1010000 1$ $H_2 = 00 000100 0101 0110 1110000 1$ $\begin{bmatrix} H_1 \\ H_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0110 & 1111 & 1111 & 0000 & 1010 & 0001 \\ 0000 & 0100 & 0101 & 0110 & 1110 & 0001 \end{bmatrix} =$ $\begin{bmatrix} 4 & 10 & 10 & 0 & 12 & 1 \\ 0 & 7 & 6 & 4 & 11 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1660 & 1900 & 1,7 & 0 & 2360 & 1480 \\ 1500 & 1780 & 1,02 & 0,68 & 2280 & 1480 \end{bmatrix}$
Cruce simple, una posición aleatoria de cruce para V_P, α, ρ . Las tres secciones se cruzan en la misma posición. (C6)	$C_1 = 010 00100 111 10110 101 00001$ $C_2 = 001 01111 010 10000 111 00001$ $H_1 = 010 01111 111 10000 101 00001$ $H_2 = 001 00100 010 10110 111 00001$ $\begin{bmatrix} H_1 \\ H_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0100 & 1111 & 1111 & 0000 & 1010 & 0001 \\ 0010 & 0100 & 0101 & 0110 & 1110 & 0001 \end{bmatrix} =$ $\begin{bmatrix} 7 & 10 & 10 & 0 & 12 & 1 \\ 3 & 7 & 6 & 4 & 11 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1780 & 1900 & 1,7 & 0 & 2360 & 1480 \\ 1620 & 1780 & 1,02 & 0,68 & 2280 & 1480 \end{bmatrix}$
Cruce simple, una posición aleatoria de cruce para cada parámetro. Las $3N$ posiciones de bit son iguales (C7).	$C_1 = 01 00 01 00 11 11 01 10 10 10 00 01$ $C_2 = 00 10 11 11 01 01 00 00 11 10 00 01$ $H_1 = 01 10 01 11 11 01 01 00 10 10 00 01$ $H_2 = 00 00 11 00 01 11 00 10 11 10 00 01$ $\begin{bmatrix} H_1 \\ H_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0110 & 0111 & 1101 & 0100 & 1010 & 0001 \\ 0000 & 1100 & 0111 & 0010 & 1110 & 0001 \end{bmatrix} =$ $\begin{bmatrix} 14 & 5 & 9 & 7 & 12 & 1 \\ 0 & 8 & 5 & 3 & 11 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1660 & 1700 & 1,53 & 1,19 & 2360 & 1480 \\ 1500 & 1820 & 0,85 & 0,51 & 2280 & 1480 \end{bmatrix}$

4.4. Medición de error y función de ajuste

Dado que el procesamiento de los registros reales requiere operaciones de supresión de trazas completas o fracciones de las mismas (*muting, kill*). Ello necesita considerar la ausencia de información en la comparación de los coeficientes de reflectividad reales y modelados. Basta con definir un error para cada uno de los $N - 1$ reflectores, para cada CDP *gather*, así:

$$E_i(C) = \begin{cases} \frac{1}{N_s(i)} \sum_{j=1}^{N_h} \left| \frac{D_{i,j} - R_{i,j}}{D_{i,j}} \right| V_{i,j} & (p = 1) \text{ si } N_s(i) \geq 5 \\ \sqrt{\frac{1}{N_s(i)} \sum_{j=1}^{N_h} \left(\frac{D_{i,j} - R_{i,j}}{D_{i,j}} \right)^2} V_{i,j} & (p = 2) \text{ si } N_s(i) \geq 5 \\ \max_{1 \leq j \leq N_h} \left| \frac{D_{i,j} - R_{i,j}}{D_{i,j}} \right| & \text{si } N_s(i) \leq 5 \end{cases} \quad (4-12)$$

En donde i es el índice correspondiente al reflector ($1 \leq i \leq N - 1$) y j , al número de *offset* ($1 \leq j \leq N_h$). $D_{i,j}$ y $R_{i,j}$ son respectivamente matrices de tamaño $(N - 1) \times N_h$ que corresponden a coeficientes de reflectividad reales y simulados a través de las ecuaciones de Zoeppritz. La matriz de validez $V_{i,j}$ es:

$$V_{i,j} = \begin{cases} 1, & \text{si } D_{i,j} \neq 0 \wedge \theta_{i,j} < \theta_i^M \\ 0, & \text{en otro caso.} \end{cases} \quad (4-13)$$

Esta definición penaliza los datos nulos en los registros reales. Adicionalmente, penaliza los offsets, i. e. ángulos, para los cuales la aproximación de Aki-Richards a las ecuaciones de Zoeppritz no es válida. De acuerdo con Ikelle y Amundsen (2005), puede definirse $\theta_i^M = \min(\theta_i^c - 10^\circ, 30^\circ)$. Por otra parte, el número de muestras válidas es:

$$N_s(i) = \sum_{j=1}^{N_h} V_{i,j} \quad (4-14)$$

Finalmente, el error asociado a cada modelo se define como sigue:

$$E(C) = \sum_{i=1}^{N-1} E_i(C). \quad (4-15)$$

La relación del entre el error y la función aptitud puede establecerse a través de la siguiente expresión:

$$f(C) = \exp(-aE(c)) \quad (4-16)$$

Por facilidad, a se calibra de acuerdo al orden de magnitud de $E(C)$. Para la función de error descrita anteriormente, $a = 1$ es un valor adecuado.

4.5. Pruebas de desempeño

Esta sección describe las pruebas y el marco de referencia a través del cual compara los algoritmos genéticos híbridos propuestos.

El análisis paramétrico que permite determinar los valores óptimos en versiones clásicas e híbridas de los algoritmos genéticos utiliza un modelo de un solo reflector para generar coeficientes de reflectividad sintéticos. El análisis incluye la comparación estadística del desempeño de los algoritmos, discusión del costo computacional, rapidez de la convergencia y la capacidad de explorar diversas zonas del espacio de búsqueda.

Esta sección la conforman dos pruebas: una prueba de desempeño en un modelo de un solo reflector en el que se determinan los mejores esquemas de cruce y mutación y se optimizan parámetros que controlan estos esquemas; y pruebas de los mejores esquemas y parámetros en un modelo sintético de 7 capas.

4.6. Procesamiento pre inversión

El procesamiento pre-inversión AVA tiene como propósito posicionar correctamente los eventos sísmicos, atenuar ruido y conservar las amplitudes del registro sísmico.

Tradicionalmente, las rutinas de procesamiento, como la que proponen Chopra y Castagna (2014), se aplican sin tomar en consideración las condiciones y parámetros de adquisición y, más aún, los efectos adversos que los algoritmos de procesamiento causan sobre las amplitudes. La Tabla 4-5 describe los principales factores que afectan las amplitudes sísmicas, resaltando los que requieren mayor atención el algoritmo de inversión prestack con (*). Los efectos sobre la amplitud generados en la adquisición y los artefactos de procesamiento son atenuados ajustando la rutina de procesamiento. Dependiendo del tipo de modelamiento directo subyacente en el algoritmo de inversión o de la naturaleza misma del fenómeno físico, los efectos físicos son simulados en el algoritmo, atenuados en el procesamiento preinversión o corregidos en la correlación con los registros de pozo.

Este trabajo aborda la ejecución de un flujo de procesamiento que considera el efecto de la **recepción oblicua de la onda sísmica** en superficie. Además, considera la pérdida de amplitud causada por reflexiones y transmisiones en el ascenso y descenso de las onda compresional para las reflexiones primarias. No obstante, la conversión de modo excede los alcances del presente trabajo. La aplicación del promedio de Backus a los registros de pozo onda sísmica permite incluir la atenuación y dispersión de la onda sísmica (Liner, 2014).

Tabla 4-5: Factores que afectan las amplitudes sísmicas. Tomado de Chopra y Castagna (2014)

Efectos Físicos	Efectos de adquisición	Ruido ambiental y de adquisición	Artefactos inducidos por procesamiento
Divergencia esférica	Patrón de la fuente	Coherente	<i>NMO-Stretch</i>
Transmisión	Acoplamiento receptores	Ambiental	Correcciones estáticas
*Atenuación, dispersión	Arreglo de receptores	Alta frecuencia, electrónico	Aplicaciones transformada de Radon
Conversión P-S	Muestreo	Baja frecuencia, longitud del cable	Filtro f-k
Reflexiones múltiples	Rango de <i>Offset</i>	Dispersión lateral	DMO
Anisotropía			*Migración
<i>Time-Tuning</i>			AGC
<i>Ground-roll</i>			*Deconvolución

4.6.1. Flujo de procesamiento

La información sísmica adquirida en campo se compone de trazas organizadas según el número de disparo en subregistros denominados CSG (*Common Shot Gather*). Cada CSG contiene la información de la emisión de una onda elástica registrada por un conjunto de receptores activos³. Después de aplicar filtros removiendo distintos tipos de ruido y realizar correcciones estáticas sobre las fuentes y los receptores, el archivo en formato .SEG-Y puede ser reorganizado en subregistros denominados CDPG *Common Depth Point Gather* que agrupan las reflexiones ocurridas en un mismo punto en profundidad.

La Figura 4-3 muestra el flujo de procesamiento preinversión. A continuación se explica cada uno de los procesos que conforman el flujo de procesamiento. La migración sísmica no se incluye, al no disponer de un algoritmo que preserve correctamente las amplitudes de las trazas sísmicas. Dicha fase del procesamiento sísmico excede los alcances de este trabajo.

1. **Asignación de Geometría:** consiste en la introducción de la información procedente del reporte de observador (compuesta principalmente por la posición geográfica de

³La disposición geométrica del conjunto de sensores activos y las fuentes de onda se denomina arreglo o patrón. El más frecuentemente utilizado en sísmica se llama *Split-Spread*.

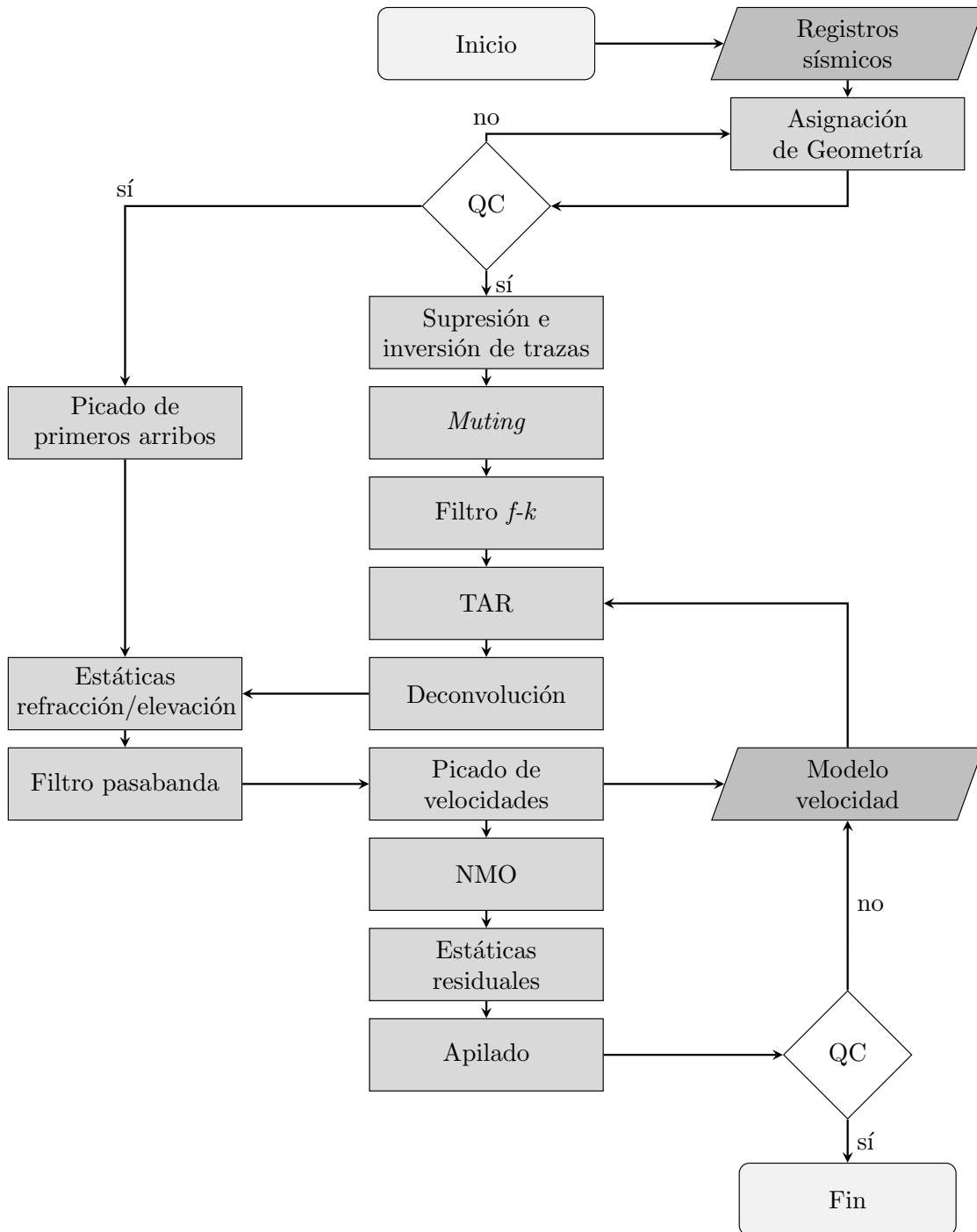


Figura 4-3: Flujo de procesamiento preinversión.

fuentes, receptores y patrón de adquisición) en los encabezados del registro crudo. Además, comprende el cálculo de los números de CDP, a partir del tamaño de *bin*, y su introducción en los encabezados del registro sísmico.

2. **QC Geometría** Verificación de la asignación de la geometría (estaciones fuentes, estaciones receptoras, número de canales y patrones de adquisición) haciendo uso de los arribos a los offset más cercanos y la visualización del patrón de adquisición por cada punto de disparo.
3. **Supresión e inversión de trazas:** eliminación o inversión trazas correspondientes a geófonos mal calibrados.
4. **Muting:** consiste en la eliminación de información espuria que aparece con frecuencia en los registros sísmicos antes de la primer arribo de señal sísmica.
5. **Picado de primeros arribos:** selección de los arribos para cada CDP de la onda refractada y de la primera reflexión registrada. Las correcciones estáticas se calculan a partir de este picado.
6. **True Amplitude Recovery (TAR):** corrección de la pérdida de amplitud provocada por la divergencia esférica que experimentan las ondas sísmicas. Luego de ser aplicada a cada CDP gather sin corregir por NMO, la amplitud de los reflectores profundos y someros es del mismo orden de magnitud. Requiere de un modelo de velocidades RMS. De no estar disponible el modelo de velocidades, es posible realizar la corrección con una velocidad constante promedio, continuar con el flujo hasta actualizar el modelo de velocidad y aplicarla nuevamente.
7. **Filtro $f-k$:** creación de un polígono de rechazo o aceptación en el espacio de Fourier frecuencia y número de onda. Frecuentemente utilizado para reducir el ruido de baja frecuencia generado por ondas sísmicas superficiales conocido como *ground roll* en cada CSG.
8. **Deconvolución** atenuación de la componente frecuencial procedente de la fuente sísmica utilizada dejando solo la respuesta del subsuelo en las trazas sísmicas (véase modelo convolucional Sheriff y Geldart (1995)).
9. **Correcciones estáticas** desfases temporales aplicados a las trazas para compensar los efectos de elevación de terreno y de reemplazamiento de la capa de refracción. Consiste en la migración virtual de fuentes y reflectores a un *Datum* plano y requiere del picado de primeros arribos.
10. **Filtro pasabanda:** rechazo ruido cuya frecuencia esté por fuera del rango sísmico (10 – 120 Hz), atenuando de esta forma la ganancia de amplitudes de alta frecuencia producida por la deconvolución y las secuelas de Ground Roll.
11. **Picado de velocidades:** selección de la función de velocidades RMS para toda la línea sísmica. La función se construye para conjuntos de CDP (*super gathers*) y luego se interpola para obtener una función para cada CDP.

12. **Corrección NMO** Utilizada para aplanar los reflectores sobresalientes en cada CDP *gather*, utilizando la función de velocidad RMS.
13. **Estáticas residuales** Correcciones estáticas del orden de magnitud menor o igual a 10 ms. Requiere de la corrección NMO.
14. **Apilado**: suma de las trazas de los CDP *gather*s, después de la aplicación de la corrección NMO, a lo largo de la dimensión del *offset* obteniendo una sección *zero offset* efectiva.
15. **QC final** control de calidad que verifica la consistencia entre el modelo de velocidad, el apilado y la información de pozo. Debe conducir al menos una vez al proceso TAR, debido a que es necesaria la conservación de amplitudes en un flujo de procesamiento preinversión.

La información que contienen los registros CDP debe ser sintetizada para obtener un modelo estructural del subsuelo de toda zona del estudio. Si el modelo estructural está compuesto por capas planas con buzamientos inferiores a los 5° , la sección apilada (*zero-offset*), coincide aproximadamente con los reflectores reales. En caso contrario, debe ser realizada una migración sísmica cuyo efecto es el de colapsar difracción y desplazar reflectores a la posición consistente con su posición en el subsuelo. Dependiendo de la complejidad estructural es necesario aplicar una migración en tiempo o en profundidad.

Cuando la migración es de tipo pre-apilado, resulta en la generación de unos los registros CDP migrados conocidos como *Common Image Gather*s. La inversión sísmica de parámetros elastomecánicos V_P , V_S y ρ puede ser aplicada indistintamente a CDP *gather*s (cuando los efectos de la migración pueden despreciarse) o CI *gather*s.

La corrección *Normal Move Out* (NMO) permite aplanar los reflectores de interés que poseen forma hiperbólica en los CDP *gather*s (Yilmaz, 2001). Al sumar los valores de amplitud de cada traza correspondientes a distintos valores de *offset* en el CDP *gather* corregidos por NMO, generando una sección *zero-offset* efectiva, denominada sección apilada o *Stack-Gather*.

La función de velocidades de apilado (v_{stack}), difiere ligeramente de la función de velocidades RMS, o de migración (v_{mig}). Esta función depende del *two way time* de cada reflector. La definición para todo el tiempo de adquisición requiere de la aplicación de interpolación lineal entre reflectores y entre CDP.

Procesamiento de pozos

La teoría de Backus permite estimar la anisotropía VTI inducida por el paso de una onda de longitud de onda mayor que el grosor característico de un medio de capas delgadas isotrópicas. Además de los coeficientes de anisotropía $(\epsilon, \delta, \gamma)$, es posible estimar los factores de atenuación y la relación de dispersión de este medio efectivo anisotrópico tal como expone Liner (2014).

Este procedimiento permite remuestrear los registros de pozo a la resolución de la sísmica y calcular la constante de atenuación y la relación de dispersión tal y como se describe a continuación:

- Calcular μ y λ a partir de los registros de pozo de densidad, sonicos P y S.
- A partir de la media móvil centrada $\langle \rangle$, con una ventana de tamaño L_B mayor que la longitud de muestreo de los registros de pozo $\lambda_{min} = \{1ft, 0,5ft\}$, calcular las velocidades V_{PB} y V_{SB} a la resolución de la sísmica:

$$V_{PB} = \left(\left\langle \frac{1}{\lambda + 2\mu} \right\rangle \langle \rho \rangle \right)^{-\frac{1}{2}} \quad (4-17)$$

$$V_{SB} = \left(\left\langle \frac{1}{\mu} \right\rangle \langle \rho \rangle \right)^{-\frac{1}{2}} \quad (4-18)$$

- Calcular el factor de calidad Q , para cada profundidad, bajo la suposición que la atenuación experimentada en la propagación de la onda, $\alpha : A' = Ae^{-\alpha R}$, es una función lineal de la frecuencia. De esta forma:

$$\alpha = \frac{\pi f}{VQ} \Rightarrow Q = cte. \quad (4-19)$$

$$Q = \cot \left(\frac{\pi \ln(V/V_B)}{\ln(V/V_B) + \ln(\lambda_B/\lambda)} \right). \quad (4-20)$$

En donde $V_B = \{V_{PB}, V_{SB}\}$, $V = \{V_P, V_S\}$ y λ_B y λ son, respectivamente, las frecuencias asociadas. Es decir, $\lambda_B = \lambda_{min} = 1ft$ y $\lambda = L_B$.

5 Resultados

5.1. Optimización de algoritmos genéticos

Esta sección muestra el desempeño de los esquemas de cruce binario y un estudio paramétrico de los esquemas de cruce y mutación de codificación real. Los resultados determinan los mejores esquemas de cruce y mutación incorporados en GA's. Y el conjunto de parámetros optimizadores de la inversión.

Posteriormente, se aborda la comparación del esquema de selección tipo SA con el esquema de torneo. Finalmente se estudia la inclusión de funciones autoadaptativas y su desempeño en la conservación de la diversidad genética poblacional.

5.1.1. Comparación de esquemas de cruce binario

La Tabla 5-1 contiene los esquemas de cruce implementados, que reflejan la búsqueda de diversidad genética y el papel de la coherencia en los cruces. Los resultados muestran el error L_2 producido por el ajuste del mejor modelo en la generación final y en función de las semillas utilizadas en la creación de números aleatorios. En todos los casos, los algoritmos genéticos corren en paralelo utilizando los parámetros de implementación consignados en la Tabla 5-2.

Tabla 5-1: Esquemas de cruce implementados

Nombre	Descripción
C1	Cruce simple una posición por modelo
C2	Cruce dos puntos por modelo
C3	Un número aleatorio de posiciones de bit se intercambian
C4	Cruce uniforme
C5	Cruce simple, una posición aleatoria de cruce para V_P, α, ρ . Las tres posiciones son distintas entre sí.
C6	Cruce simple, una posición aleatoria de cruce para V_P, α, ρ . Las tres secciones se cruzan en la misma posición
C7	Cruce simple, una posición aleatoria de cruce para cada parámetro. Las $3N$ posiciones de bit son iguales.

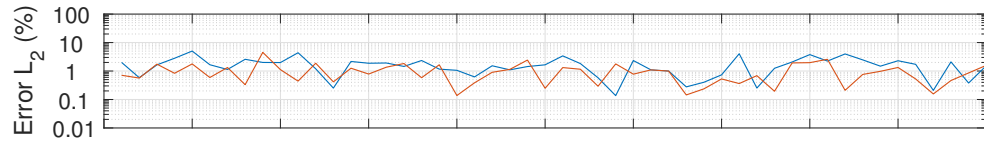
Tabla 5-2: Parámetros usados en la inversión que ilustra la Figura 5-1.

(a) Parámetros de implementación.		(b) Modelo utilizado para generar coeficientes de reflectividad y parámetros de referencia.		
Número de bits	8	Capa		
Tamaño de población	100	1	2	
Número de generaciones	200	V_P (m/s)	1800	2000
Probabilidad de selección p_s	0,6	V_S (m/s)	550	600
Probabilidad de cruce p_c	0,6	ρ (kg/m ³)	2000	1900
Probabilidad mutación p_m	1/(48)	V_P^0 (m/s)	1800	1800
h_P (m/s)	2	α_S^0 (m/s)	1.275	1.275
h_α	0.01	ρ^0 (kg/m ³)	2000	2000
h_ρ (kg/m ³)	4			
Semillas utilizadas en la generación de números aleatorios	[1, ..., 50]			

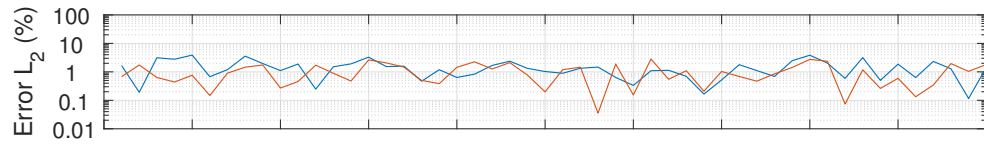
Los errores porcentuales, en sus versiones L_1 y L_2 (Ecuación 4-12), generación tras generación permiten seleccionar los reproductores a través del esquema de selección tipo torneo y para actualizar la población a partir de los descendientes y progenitores en cada generación utilizando el esquema $\mu + \lambda$. De la 100 generación el mejor modelo es comparado para cada una de las semillas en términos de su error relativo porcentual L_2 con las reflectividades reales. La Figura 5-1 (a) muestra el error L_2 relativo porcentual del mejor modelo de la población final, tras 100 generaciones, utilizando el esquema de cruce binario C1, como función de cada una de los números semilla utilizados para generar números aleatorios ([1, 50]), para las versiones del error L_1 (azul) y L_2 (rojo) con que se califican los modelos. Para ello, se utilizaron los parámetros presentados en la Tabla 5-1.

Las figuras 5-1 (b)-(g) representan, respectivamente, el desempeño de los cruces C₂-C₇. Para todos los cruces, los errores porcentuales tienen en promedio el mismo orden de magnitud (1%), tanto para el error relativo porcentual L_1 como para el error relativo porcentual L_2 . Para esta última versión del error porcentual en el BCGA, el promedio para todas las semillas del error porcentual relativo L_2 , y su desviación estándar, es para la mayoría de casos, menor que cuando se utiliza la versión L_1 del error relativo porcentual. El cruce con menor media y desviación estándar de errores porcentuales relativos, respecto al conjunto de semillas, es L_2 -C₇ con valores de $\mu_S = 0,9315\%$ y $\sigma_S = 0,6465\%$. Por el contrario, el cruce con mayores valores de media y desviación estándar de errores porcentuales relativos es L_1 -C₁, con valores de $\mu_S = 1,7432\%$ y $\sigma_S = 1,0379\%$.

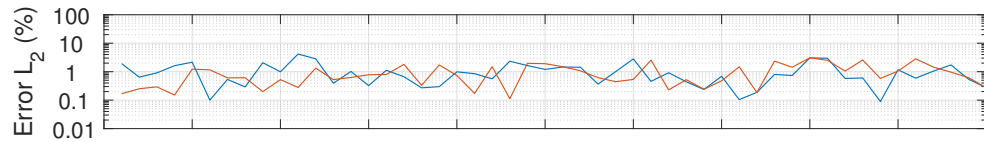
De acuerdo con lo anterior, el cruce L_2 -C₇ tiene el mejor desempeño. El desempeño superior



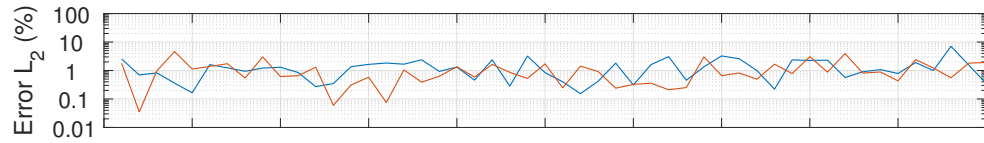
(a) Cruce simple de una posición de cruce por modelo (C1).



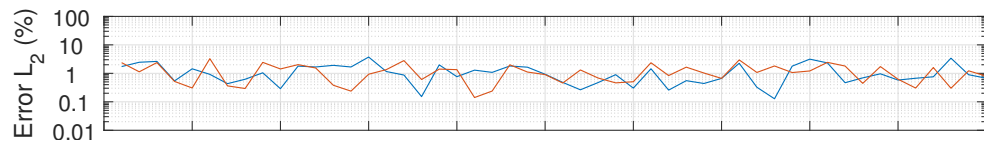
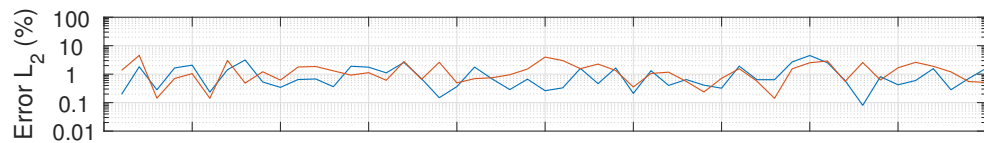
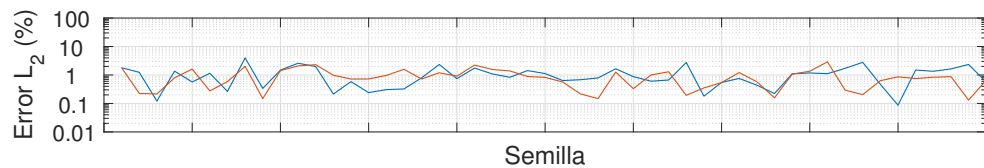
(b) Cruce con dos posiciones de cruce (C2).



(c) Número aleatorio de bits intercambiados (C3).



(d) Cruce uniforme (C4).

(e) Una misma posición aleatoria de cruce para V_P , α y ρ (C5).(f) Una posición de cruce diferente para V_P , α y ρ (C6).

(g) Una misma posición de cruce para cada parámetro (C7).

Figura 5-1: Error porcentual del mejor individuo para los cruces C1-C7 (Tabla 5-1) utilizando los ajustes L_1 (en azul) y L_2 (en rojo) definidos en la Ecuación 4-12.

del cruce C7 se explica, considerando que las cadenas de bits se intercambian independientemente para cada parámetro V_p , α y ρ y para cada capa. Esto produce una explotación de las características de los progenitores más completa. Por consiguiente, las poblaciones cruzadas con este esquema poseen mayor diversidad genética.

5.1.2. HCGA: Efecto de la mutación real en cruces binarios.

El esquema *Clock mutation*, la definición del conjunto de parámetros y de individuos que son mutados es recursiva, ya que requiere de los parámetros y de los individuos mutados, y estocástica por el control de una variable aleatoria. La mutación utilizada es polinomial (también propuesta en Deb y Deb (2014)) y controlada por el parámetro de dispersión η_m .

Es posible estudiar diversas condiciones de finalización del esquema *Clock mutation* (Subsección 2.6.2). La primera de ellas procede de las siguientes condiciones de actualización una para mutar el k -ésimo parámetro y el i -ésimo individuo:

$$\begin{aligned} i' &= (k + [l])/n + i; \\ k' &= n * ((k + [l] \text{ mód } n) == 0) + (k + [l]) \text{ mód } n. \end{aligned} \quad (5-1)$$

El nuevo individuo mutado es i' en el k' -ésimo parámetro. El ciclo se repite siempre que $i' \leq \lambda$, siendo λ , el número de descendientes en cada generación.

La segunda condición de finalización que se propone garantiza que se realicen λ mutaciones, al conservar las condiciones de actualización Ecuación 5-1 donde la actualización del individuo es cíclica. Es decir, cuando $i' > \lambda$ entonces:

$$i' = i \text{ mód } \lambda \quad (5-2)$$

La Figura 5-2 (a) presenta los errores relativos porcentuales del mejor individuo de la generación final, de un algoritmo de codificación híbrida (HGCA) que incorpora el esquema de cruce binario C_1 y la mutación real, con $\eta_m = 8$. Como en la Figura 5-1 (a), el error en la función de las semillas de generación de números aleatorios. El HGCA utiliza la primera condición de finalización del esquema *clock mutation* con los parámetros de implementación referidos en la Tabla 5-2. Para de visualización, el eje vertical de la grafica está en escala logarítmica. De acuerdo con la Figura 5-2 (a), se aprecia que esta condición de finalización del esquema de mutación exagera la diferencia entre el promedio de los errores de L_1 y L_2 si se compara con la Figura 5-1 (a).

Mientras el error y la desviación estándar de la norma L_1 son del orden de 10%, los errores y las desviación estándar de la norma L_2 son un orden de magnitud menor(1%). Dicho comportamiento se extiende para los esquemas de cruce C2-C7 representados por la Figura 5-2

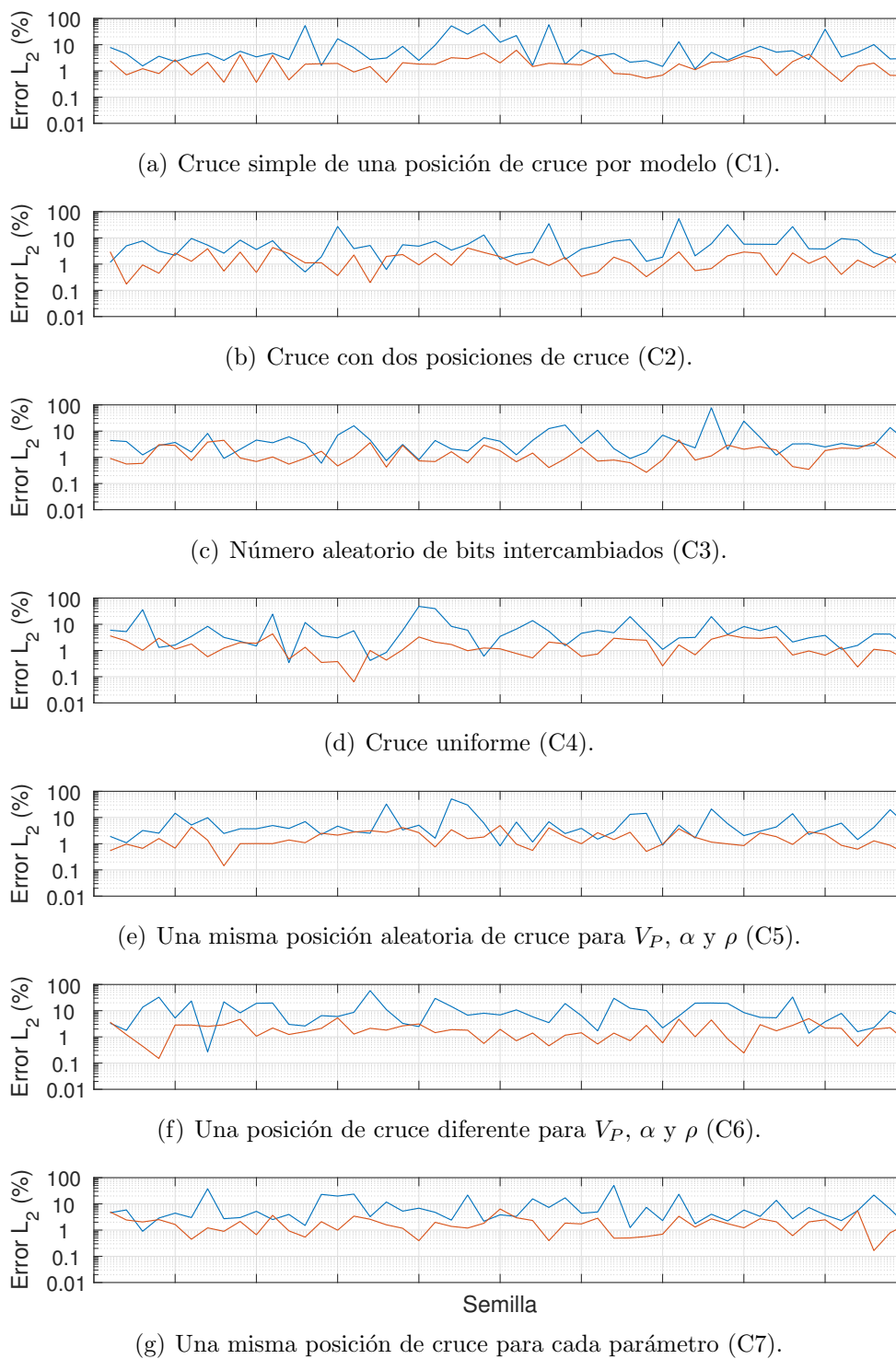


Figura 5-2: Efecto en los esquemas de cruce binario Tabla 5-1 de mutación real para la condición de actualización-finalización expresada por la Ecuación 5-1 para los ajustes L_1 (en azul) y L_2 (en rojo).

(b)-(g). El cruce con menor media y desviación estándar de errores porcentuales relativos respecto al conjunto de semillas, es L_2 -C4 con valores de $\mu_S = 1,5531\%$ y $\sigma_S = 1,0827\%$. Mientras, el cruce con mayores valores de media y desviación estándar de errores porcentuales relativos es L_1 -C1, con valores de $\mu_S = 10,3871\%$ y $\sigma_S = 15,1322\%$.

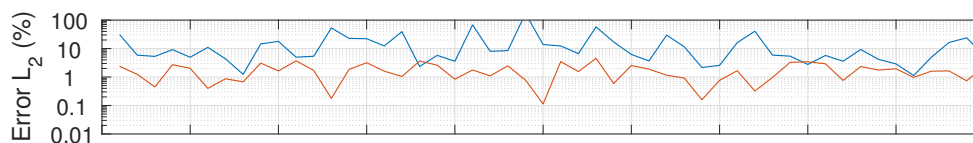
Por otra parte, la Figura 5-3 (a)-(g) muestra los errores porcentuales relativos, bajo las mismas características de la Figura 5-2, correspondientes a los esquemas de cruce C1-C7, del HCGA utilizando la *clock mutation* con la segunda condición de finalización (Ecuación 5-2). En este caso, tanto el promedio de los errores relativos porcentuales del mejor individuo, así como la desviación estándar, son mayores para la norma L_1 (el desempeño es inferior si se compara con la Figura 5-2) que para la norma L_2 . El cruce con menor media y desviación estándar de errores porcentuales relativos, respecto al conjunto de semillas, es L_2 -C4 con valores de $\mu_S = 1,5991\%$ y $\sigma_S = 0,7911\%$. Por el contrario, el cruce con mayores valores de media y desviación estándar de errores porcentuales relativos es L_1 -C1, con valores de $\mu_S = 16,8806\%$ y $\sigma_S = 26,8262\%$.

Al emplear la mutación real, el error porcentual del mejor esquema de cruce L_2 -C4 es poco menos del doble del error obtenido con el mismo esquema de cruce en un BCGA (Figura 5-1 (d)). Sin embargo, el tiempo de cómputo disminuye en más de 96% (de 622 a 24 minutos). Dado que los dos casos de la figura Figura 5-1 y Figura 5-2 se utilizó el mismo conjunto de parámetros (incluyendo probabilidad de mutación equivalente), es posible afirmar que el esquema de mutación real propuesto es 96% más rápido en el caso real que en el caso binario.

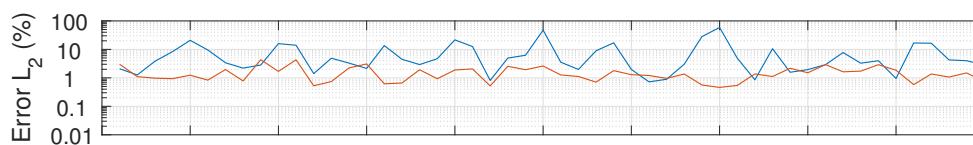
Análisis del parámetro de mutación η_m

La sección anterior arrojó que estadísticamente el mejor esquema de cruce binario en un HCGA es el L_2 -C4. Con el objetivo de optimizar el HCGA L_2 -C4 se analiza el rango de mayor desempeño del parámetro de mutación η_m . La Figura 5-4 muestra los contornos suavizados de la media del error relativo porcentual del mejor modelo, correspondientes a 50 semillas de generación de números aleatorios producto de la implementación del HCGA bajo los parámetros utilizados en la sección anterior (Tabla 5-2) e incorporando el esquema de cruce L_2 -C4. En esta figura, el error, promediado por el número de semillas, es función del número de generaciones y del parámetro de mutación η_m . La condición de finalización de la *Clock Mutation* es la de tipo *while* (Ecuación 5-1).

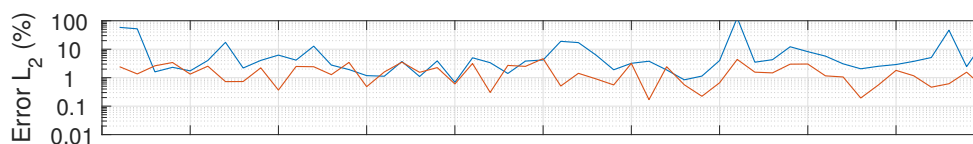
De acuerdo con la Figura 5-4, a partir de la generación número 5, existe una relación creciente entre el parámetro de mutación y la media y la desviación estándar de los errores porcentuales relativos: cuánto mayor es η_m , mayor es el error al que se converge y más tarda en la convergencia. En la región $\eta_m \leq 50$ la convergencia de la media de los errores porcen-



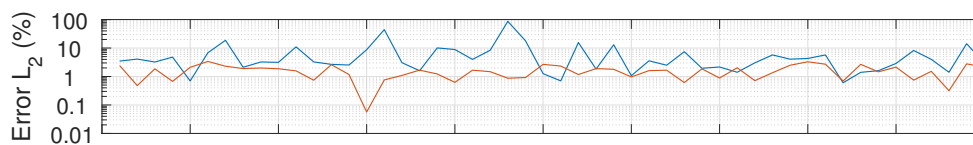
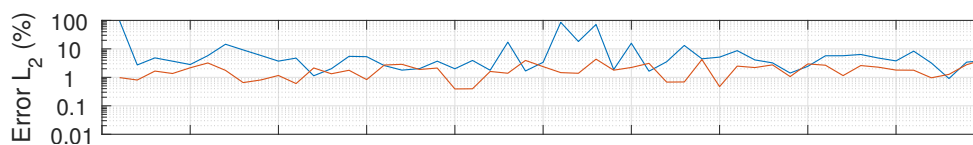
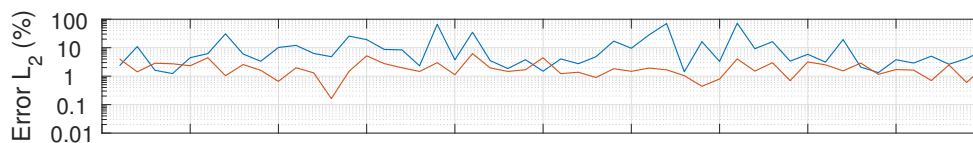
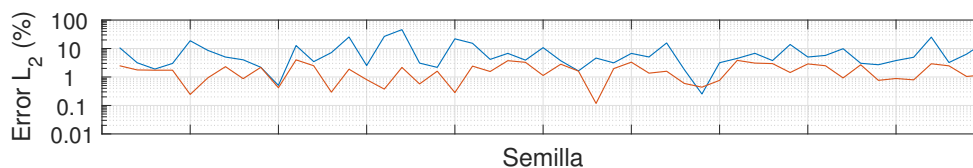
(a) Cruce simple de una posición de cruce por modelo (C1).



(b) Cruce con dos posiciones de cruce (C2).



(c) Número aleatorio de bits intercambiados (C3).

(d) Una misma posición aleatoria de cruce para V_P , α y ρ (C4).(e) Una misma posición aleatoria de cruce para V_P , α y ρ (C5).(f) Una posición de cruce diferente para V_P , α y ρ (C6).

(g) Una misma posición de cruce para cada parámetro (C7).

Figura 5-3: Efecto en los esquemas de cruce binario Tabla 5-1, mutación real para la condición de actualización-finalización a las que hace referencia la Ecuación 5-2(for).

tuales relativos es mucho más rápida que otras regiones del intervalo estudiado ($\mu_S = 1,31\%$ y $\sigma_S = 0,95\%$ en $\eta_m = 13$). Los valores mínimos de la media y la dispersión de los errores porcentuales relativos se alcanzan en esta región. Como se muestra en la Figura 5-4 (b), la desviación estándar alcanza valores de 1% en esta región. La media y la desviación estándar de los errores porcentuales relativos establecen que la región óptima para la condición de finalización *while* Ecuación 5-1 del *Clock Mutation* es $5 \leq \eta_m \leq 40$.

De manera semejante a la Figura 5-4 y bajo los mismos parámetros de implementación (Tabla 5-2), la Figura 5-5 muestra los contornos suavizados de la media (a) y la dispersión (b) del error relativo porcentual del mejor modelo, para la condición de finalización *for* (Ecuación 5-2) del esquema *Clock Mutation*. En este caso la tendencia tanto de la media como de la desviación estándar es más uniforme que para la condición de finalización *while*, cuando $\eta_m \geq 100$. En la región $\eta_m \leq 60$ se alcanzan los valores óptimos ($\mu_S = 1,31\%$ y $\sigma_S = 0,86\%$ en $\eta_m = 12$).

5.1.3. Análisis paramétrico esquemas de mutación y de cruce real

Esta sección enfatiza en el análisis paramétrico de los esquemas de mutación y de cruce real SBX utilizando los parámetros de implementación consignados en la Tabla 5-2. Se estudia el rango óptimo de los parámetros η_c y η_m , para los condiciones de finalización del esquema de mutación real analizadas para el algoritmo genético híbrido (Ecuación 5-1, Ecuación 5-2). Como en la sección anterior, el análisis se basa en la evolución de la media del error relativo porcentual (en adelante, se demonina simplemente “error”).

Dada la similitud de las formulaciones del esquema de cruce SBX y el esquema de mutación polinomial, se estudia la relación η_c y η_m . En la sección anterior se determinó que el rango óptimo del parámetro η_m , en un HCGA, para ambas condiciones de finalización del algoritmo de mutación, es de $5 \leq \eta_m \leq 45$. En esta sección se estudia un RCGA con esquema de cruce SBX y esquema de mutación *Clock Mutation*-Polinomial, escogiendo el intervalo $5 \leq \eta_m \leq 25$. De manera que se prefiere el análisis de la parte inferior del intervalo óptimo del HCGA estudiado en la sección anterior, ya que en este rango η_m produce mayor diversidad genética. Por razones semejantes, el intervalo en el que se analiza η_c es $0 \leq \eta_c \leq 15$.

Para la primera condición de finalización del esquema de mutación (Ecuación 5-1), al cabo de 10 generaciones (Figura 5-6a y), se obtiene mayor desempeño entorno a $\eta_c < 8$ y $\eta_m < 15$. Cuando han transcurrido 25 generaciones (Figura 5-6b), se observa que la región de error mínimo se desplaza hacia $\eta_c < 5$ y se observa dispersión de la variable η_m : obteniendo errores de casi el mismo orden de magnitud en este rango.

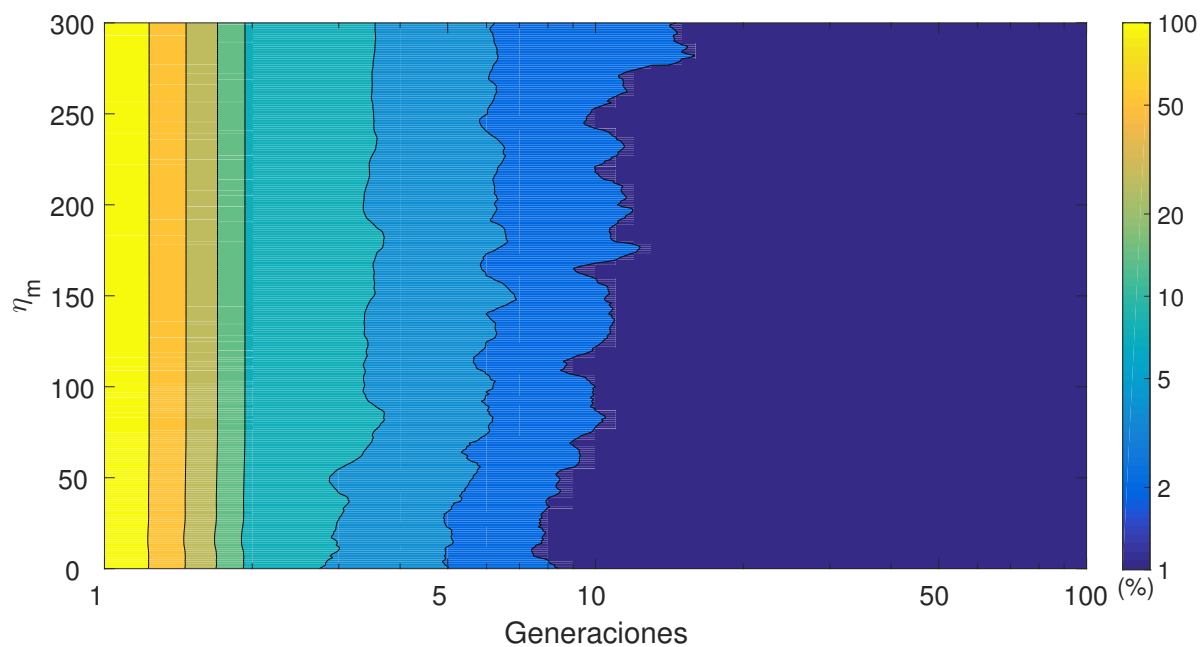
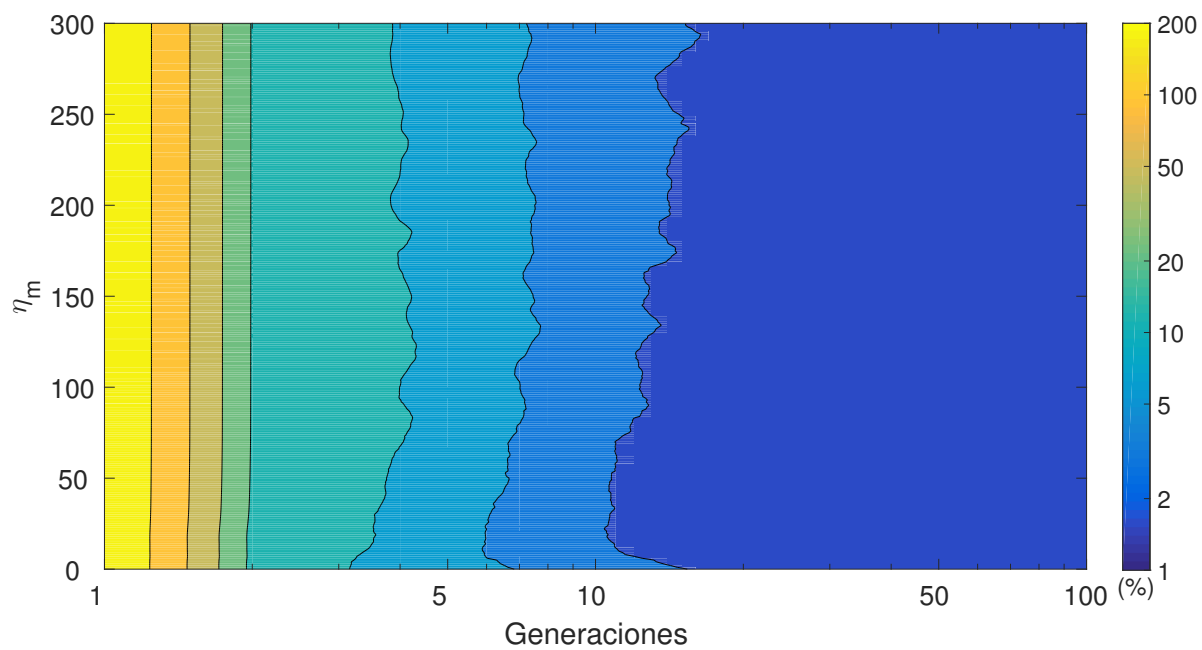
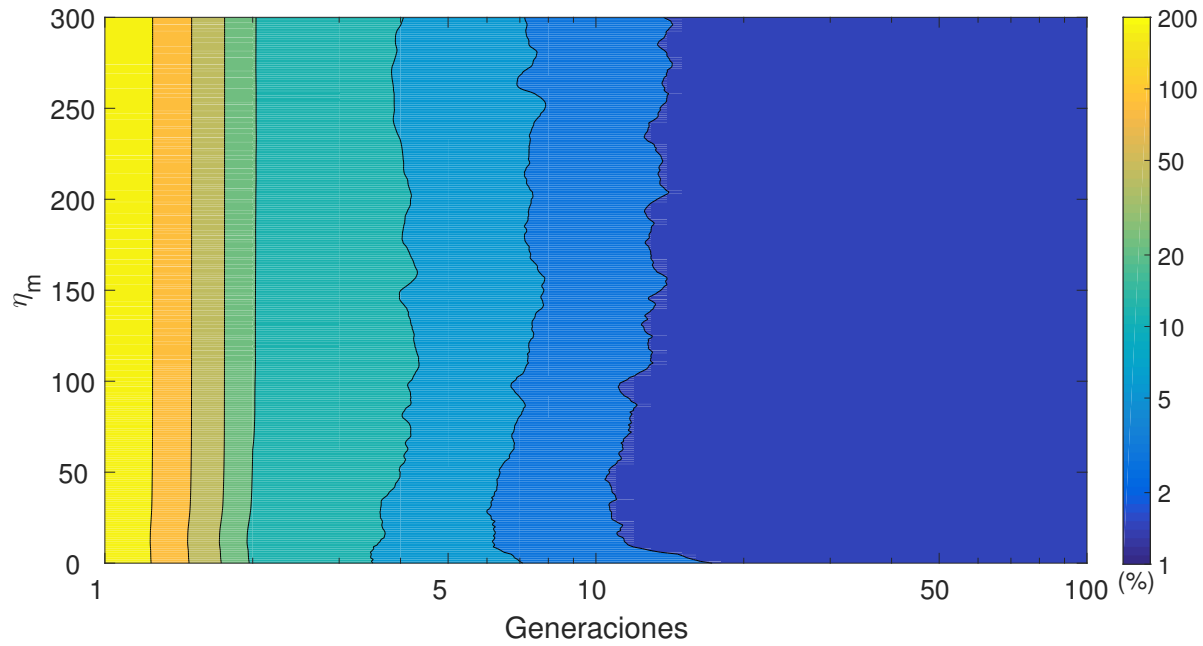
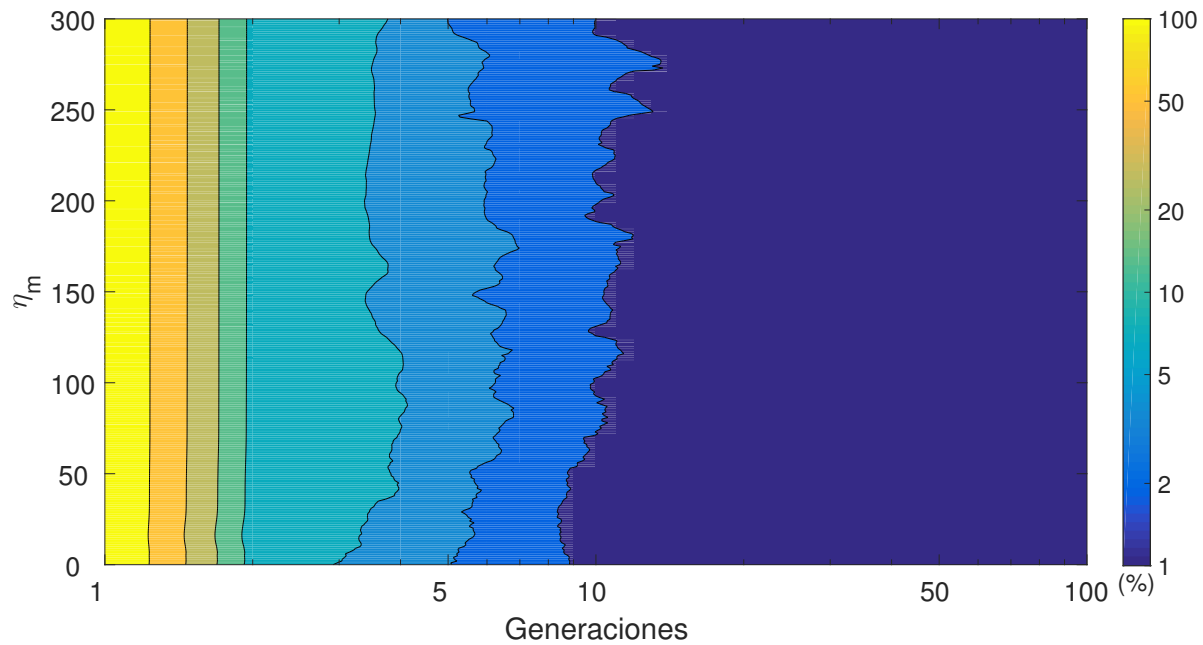


Figura 5-4: Desempeño promedio del HCGA (L_2 -C4) para las semillas $[1, \dots, 50]$, utilizando la condición de finalización *while* (Ecuación 5-1) del esquema *Clock Mutation*. La figura muestra la evolución de la media (a) y de la desviación estándar (b) de los errores relativos porcentuales de los mejores modelos, correspondientes a las 50 semillas, en función del parámetro de mutación.



(a) Media.



(b) Desviación estándar.

Figura 5-5: Desempeño promedio del HCGA (L_2-C4) para las semillas $[1, \dots, 50]$, utilizando la condición de finalización *for* (Ecuación 5-2) del esquema *Clock Mutation*. Donde muestra la evolución de la media (a) y de la desviación estándar (b) de los errores relativos porcentuales de los mejores modelos, correspondientes a las 50 semillas, en función del parámetro de mutación.

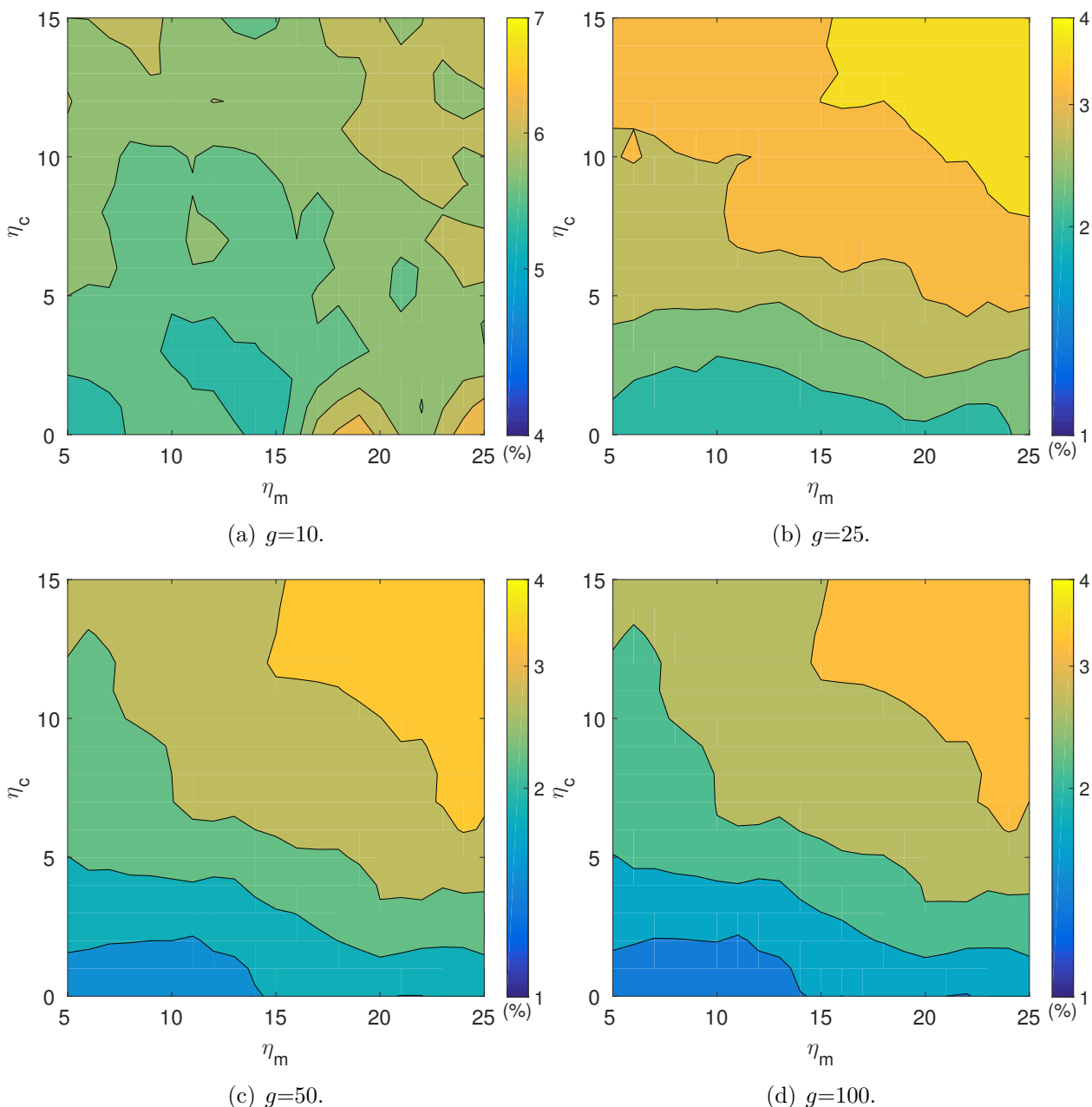


Figura 5-6: Error de los mejores individuos, promediado para 50 semillas, en función de la generación g , y de los parámetros η_c y η_m , para la condición de finalización while.

No existen diferencias notorias en la distribución de η_c vs η_m , entre $g = 50$ (Figura 5-6c) y $g = 100$ (Figura 5-6d). Sin embargo aumenta con respecto a $g = 25$, siendo el error para $g = 50$ del orden de 3% para más del 50% de los valores presentados. Por otra parte, el error mínimo pasa de ser del orden de 1,42%, cuando $g = 50$ a 1,32%, cuando $g = 100$, en $\eta_c = 1$, $\eta_m = 9$. La Figura 5-7 muestra la evolución para la segunda condición de finalización

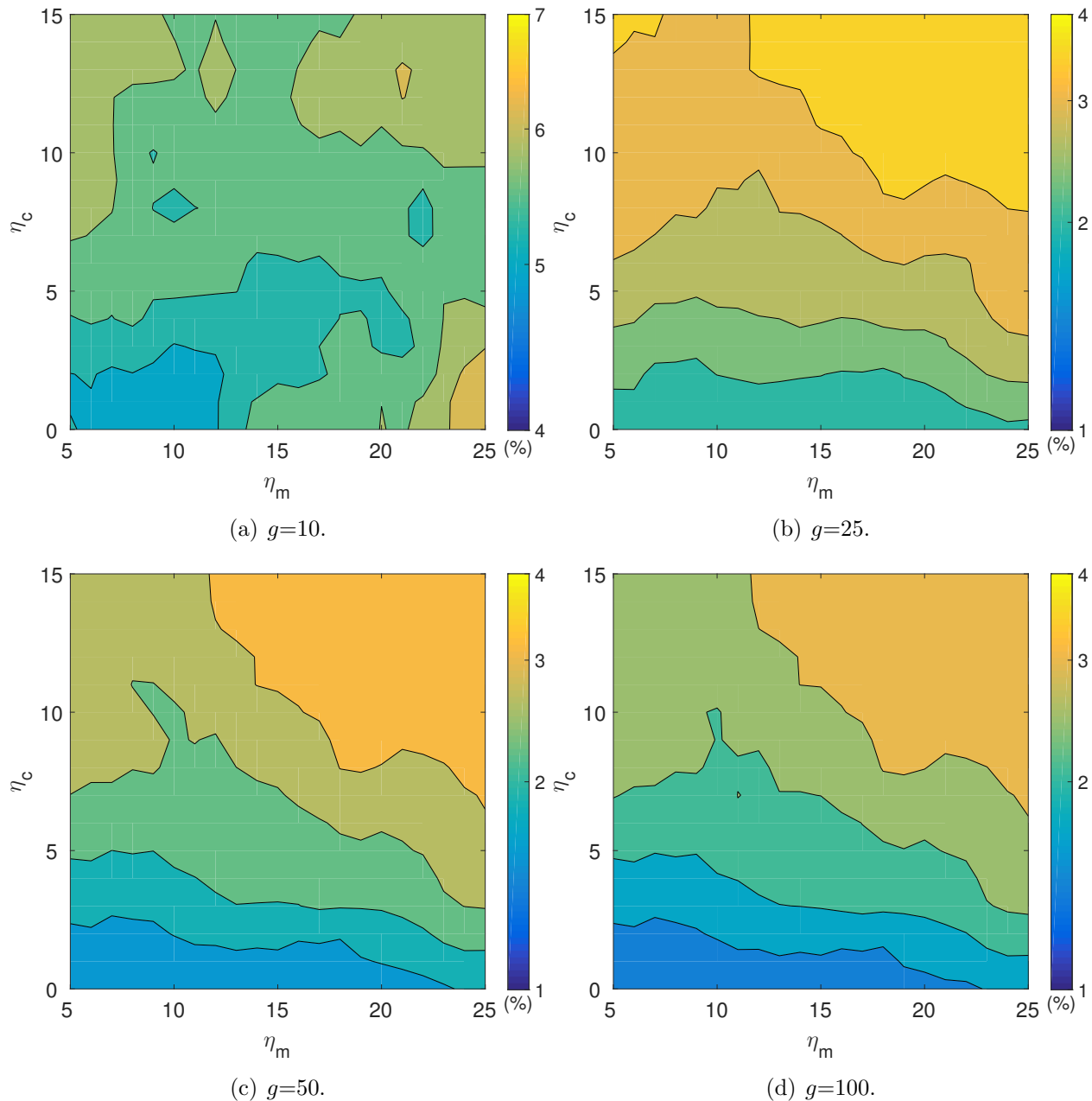


Figura 5-7: Error de los mejores individuos, promediado para 50 semillas, en función de la generación g , para la condición de finalización for.

(Ecuación 5-2) del error del RCGA, para los mismos parámetros de implementación y las mismas escalas de colores utilizadas en la Figura 5-6. En comparación con esta figura, para todas las generaciones, las regiones oscuras abarcan mayor área en el espacio paramétrico η_c vs. η_m . Adicionalmente bajo esta condición de finalización, está mejor definida la región de valores óptimos $\eta_m < 15$ y $\eta_c < 3$. La evolución es semejante a la condición anterior, el error disminuye conforme transcurren las generaciones hasta alcanzar un mínimo de 1,24%,

cuando $g = 100$, $\eta_c = 0$ y $\eta_m = 9$.

De acuerdo con el análisis anterior, para ambas condiciones (Ecuación 5-1 y Ecuación 5-2), el error guarda una relación creciente con el parámetro η_c , esto es, cuando η_c incrementa también lo hace el error. La dispersión del error está dominada por el parámetro η_c siendo más sensible la distribución a este parámetro que al parámetro η_m . En otras palabras, la convergencia es más diferenciada en el parámetro de cruce y más uniforme en el parámetro de mutación. Esta relación es más apreciable en la segunda condición de finalización (tipo *for*, Ecuación 5-2,) que en la primera (tipo *while*, Ecuación 5-1). Por lo tanto, la región de mayor desempeño es $\eta_c < 3$. El rango óptimo se encuentra $\eta_c = [0, 2]$ y $\eta_m = [5, 14]$. Este rango de parámetros permite la preservación de la diversidad genética en las primeras generaciones y la búsqueda del menor error en las últimas.

5.1.4. Análisis paramétrico cruces dinámico heurístico DHX

El cruce dinámico heurístico genera dos descendientes: uno en la región de exploración (H_1) y otro en la región de explotación (H_2). Mientras que las primeras generaciones se privilegian la exploración, las últimas privilegian la explotación del espacio de búsqueda. El modo como ambos descendientes alcanzan al mejor individuo depende de dos parámetros (α, γ) que controlan las funciones de convergencia ($\delta_{\mathcal{M}}^{\alpha}, \delta_{\gamma}$).

La Figura 5-8 grafica las familias de funciones de la Tabla 2-5. Muchas funciones logísticas crecientes definidas en el intervalo $[0, 1]$ pueden utilizarse como función de convergencia. Por otro lado, las funciones $A(t)$ y $B(t)$ son semejantes a las funciones $LNP_{\alpha}(t)$ y $P_{\alpha}(t)$ cuando $\alpha = 1$. Descartar estas funciones no paramétricas, posibilita estudiar el resto de funciones propuestas en la Tabla 2-5 independientemente.

En la Figura 5-9 (a) varía el parámetro α de la función P_{α} en potencias de 2, posibilitando construir funciones de convergencia a través de esta variación, siendo de interés particular el intervalo $[-0, 5, 16]$. La Figura 5-9 (b), (c) y (d) muestran las familias de funciones logarítmica I, II y sinusoidal. Graficadas en función de α en potencias de 2, están definidas para $\alpha > 0$, a diferencia de P_{α} . El intervalo de interés del parámetro α es $[0, 5, 64]$ para la familia logarítmica es, $[0, 125, 16]$ para la familia logarítmica II y $[0, 25, 16]$, para la sinusoidal.

El producto del cruce DHX de dos individuos C_1 y C_2 , tiene un descendiente en el intervalo de exploración (H_1) cuya convergencia hacia el mejor de los progenitores controla la función δ^{γ} . A manera de ejemplo, la Figura 5-10 muestra el cruce i-ésimo parámetro (V_P) de los progenitores $C_1 = (1600 \text{ m/s}, \dots)$ y $C_2 = (2000 \text{ m/s}, \dots)$ m/s, en donde el mejor de los progenitores escogido C_1 ($e(C_1) = 0,1$, $e(C_2) = 1$ luego, $\lambda_f = 0,2891$). El intervalo de búsqueda

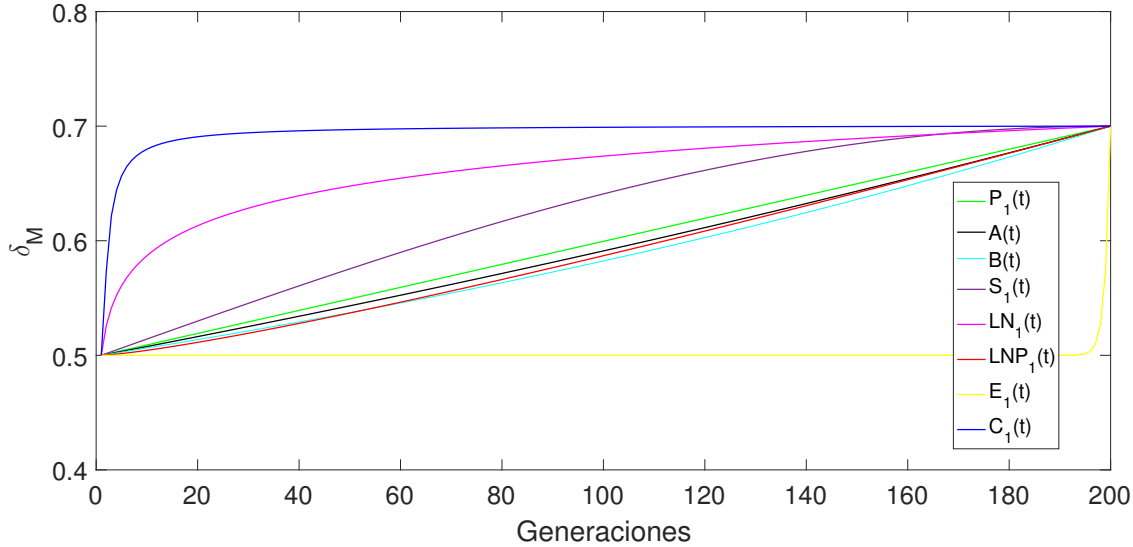


Figura 5-8: Prototipos de funciones $\delta_{\mathcal{M}}$ con $\lambda_f = 2$

es [500, 3100] m/s. Adicionalmente, $\delta_{\mathcal{M}} = P_1(t)$.

Cuando se implementa el esquema de cruce DHX en un algoritmo genético, produce un gran número de cruces en cada generación. Por esta razón, la probabilidad de que el valor de los parámetros de los individuos a entrecruzar sea el mismo para distintas generaciones t_1 y t_2 es casi nula ($P(c_i^{1t_1} = c_i^{1t_2}) \approx 0$).

En este sentido, Figura 5-10 representa un esquema de la evolución de la presión heurística del cruce DHX. En las primeras generaciones, el cruce actúa de manera tal que el parámetro de uno de los descendientes se encuentre cerca al promedio aritmético de los de los progenitores y el otro descendiente se encuentre en la sección del intervalo de exploración más próxima al mejor individuo. Entre tanto, cuando el cruce es aplicado en generaciones posteriores, uno de los descendientes se acerca al promedio ponderado por los valores de aptitud de los progenitores mientras que el se vuelve aproximadamente el mejor progenitor.

Esta figura indica la validez de la aproximación, descrita en la 2-13, de la función δ^γ cuando $\gamma = -\frac{1}{2}$ a la función $t^{-1/2}$ propuesta en Herrera *et al.* (2003). La función en el presente trabajo, satisface esta aproximación, es la generalización de esta función de manera que pueda controlar la convergencia de H_1 hacia C_1 .

En la Figura 5-11 se ilustra el comportamiento de la implementación en el cruce DHX de la función δ^γ para varios valores de γ . Como se aprecia en esta figura, esta función es una generalización de aquella propuesta en Herrera *et al.* (2003). De esta forma, es posible optimizar el error de la inversión del algoritmo genético a través del parámetro γ .

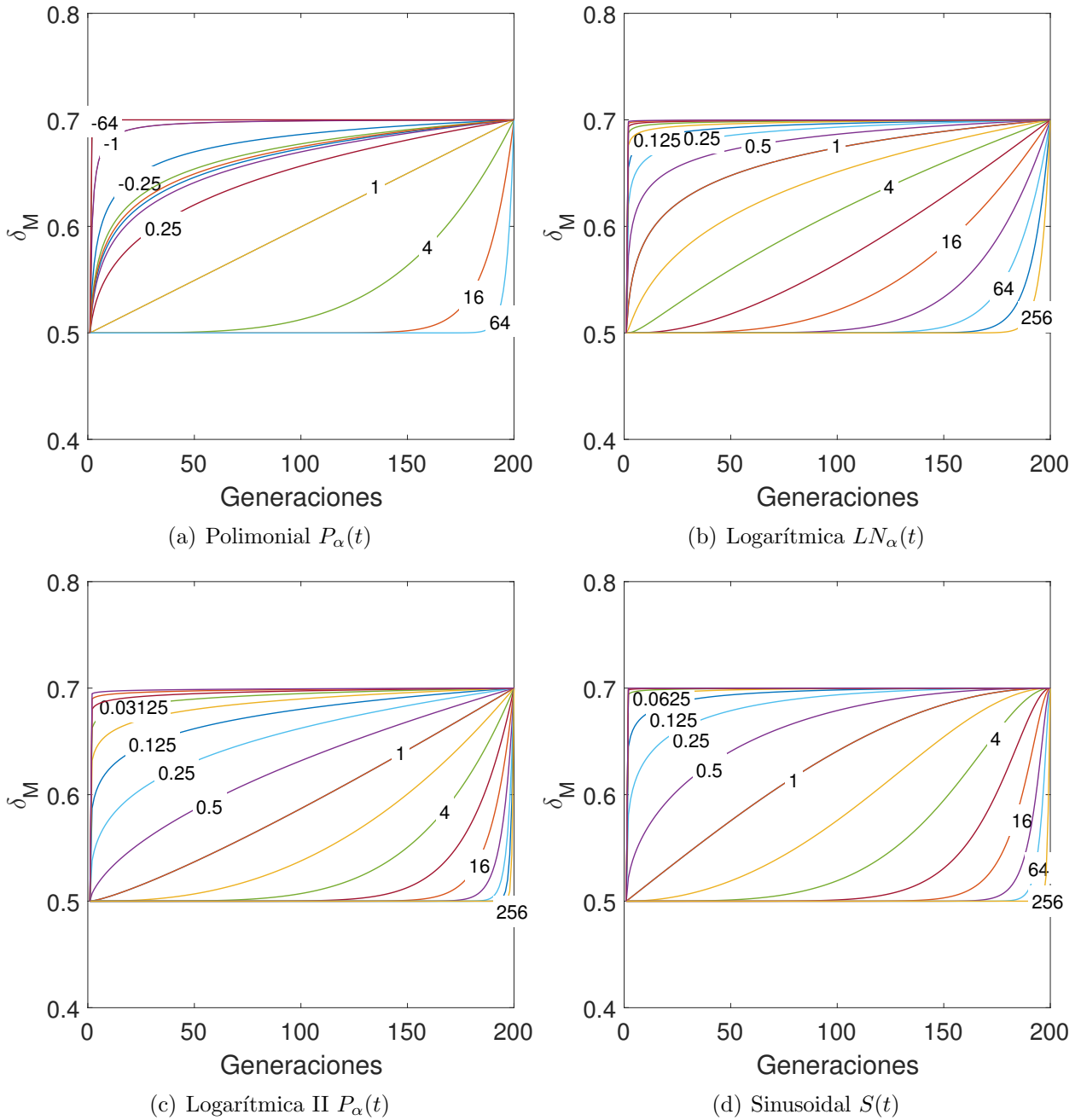


Figura 5-9: Familias de funciones paramétricas presentadas en la Tabla 2-5. La leyenda de cada curva corresponde al valor de α con el que se ha construido la función δ_M^α .

Cuando el parámetro del mejor progenitor es el mayor $c_i^{1t} > c_i^{2t}$, el descendiente $h_i^{1t} = S(c_i^{1t}, c_i^{2t})$. Por lo tanto, la optimización de este parámetro puede extenderse hacia la familia de funciones S_t dada la convención $\delta_{\mathcal{F}} = \delta_{\mathcal{S}} = \delta^\gamma$.

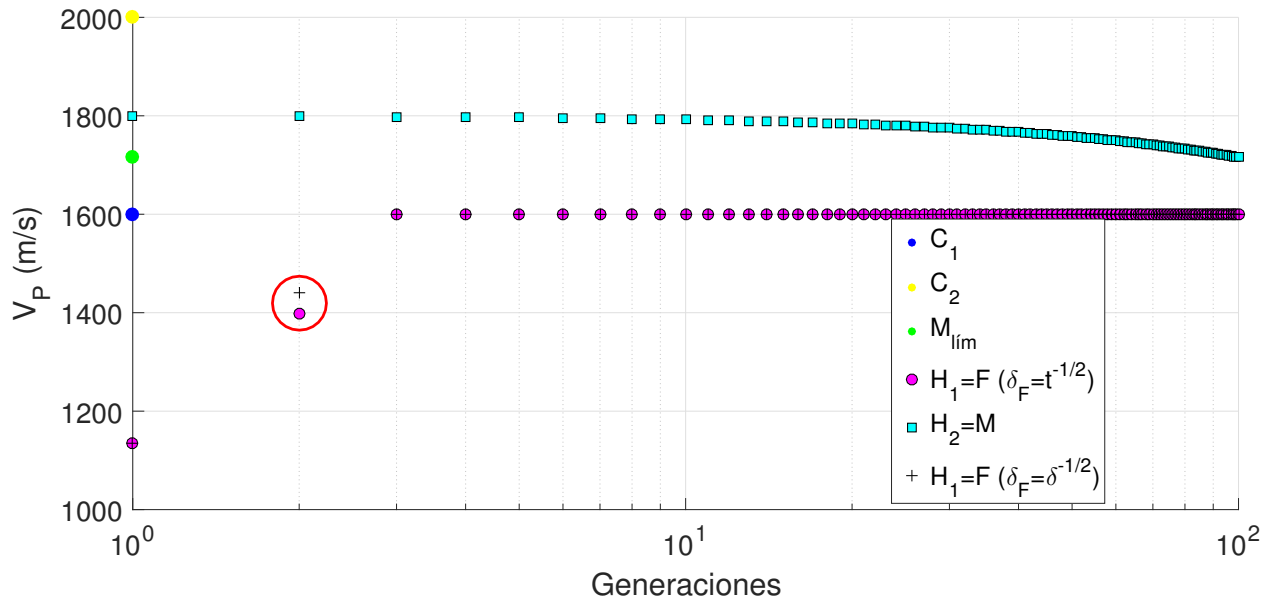


Figura 5-10: Comparación cruce DHX de $c_1^{1t} = 1600$ m/s y $c_1^{2t} = 2000$ m/s, para la función de convergencia $\delta_{\mathcal{F}} = \delta^{-1/2}$ y $\delta_{\mathcal{F}} = t^{-1/2}$ propuesta en Herrera *et al.* (2005).

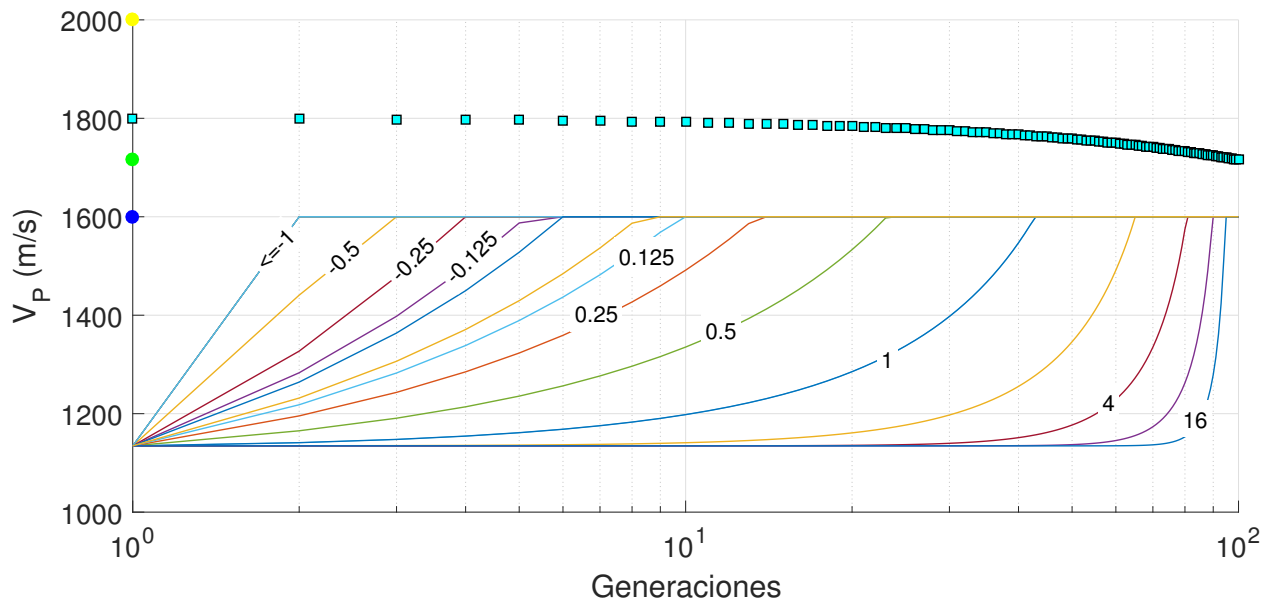


Figura 5-11: Variación del parámetro γ en la implementación de la función δ^γ como función de convergencia del descendiente exploratorio $H_1 = F_t$.

Sin pérdida de generalidad, se ha escogido la función $\delta_{\mathcal{M}}(t) = P_\alpha(t)$ por su relación funcional con $\delta_{\mathcal{F},S}(t) = \delta^{\gamma(t)}$. Se procede a optimizar tanto α como γ en función del error L_1 de coeficientes de reflectividad (Ecuación 4-12).

La Tabla 5-3 muestra los parámetros de implementación utilizados en el RGCA que se

Tabla 5-3: Parámetros de implementación DHX.

Tamaño de población	100
Número de generaciones– $g_{\text{máx}}$	100
Probabilidad de selección	0,6
Probabilidad de cruce	0,6
Probabilidad de mutación	1/6
η_m	9
h_P (m/s)	2
h_α	0.01
h_ρ (kg/m ³)	4
Semillas	50

caracteriza por la implementación del cruce DHX y la mutación de tipo *clock*-polinomial con la condición de finalización tipo *for* (Ecuación 5-2). Para ello se calculó la media de los errores relativos porcentuales del mejor individuo para las 50 semillas utilizadas en la generación de números aleatorios. Las figuras **5-12** (a), (b), (c) y (d) muestran el promedio, en semillas, del error relativo porcentual del mejor individuo para la generación 10, 25, 50 y 100, respectivamente.

De acuerdo con la Figura **5-12** (a), la región de valores óptimos de la media del error relativo porcentual para 50 semillas, en la décima generación ($g = 10$), es $\gamma \leq -2^2$ en donde $\mu_S \leq 2\%$. Cuando $g = 25$ (Figura **5-12** (b)), μ_S alcanza valores en torno a 1% para la mayor parte del espacio paramétrico estudiado, en particular para la región $-2^{-2} \leq \gamma \leq 2^{-2}$ y $\alpha \leq 2^8$. Cuando $g = 50$ (Figura **5-12** (c)), los valores μ_S alcanzan 0,75% en esta región. Al cabo de 100 generaciones (Figura **5-12** (d)), la mayoría de valores óptimos $\mu_S \approx 0,7\%$ la región óptima se encuentran en esta región, particularmente en $-2^{-6} \leq \gamma \leq 2^{-12}$ y $2^{-6} \leq \alpha \leq 2^4$. Además, μ_S alcanza el valor mínimo 0,62% en $\alpha = -2^{-8}$ y $\gamma = -2^{-10}$.

La dispersión de μ_S con respecto a los parámetros que controlan el cruce DHX (Figura **5-12** (a)-(d)), revela la importancia de estos parámetros en el desempeño del algoritmo. Mientras que en las primeras generaciones, los valores de $\gamma - 4$ poseen mayor desempeño, a medida que transcurren las generaciones los valores de mayor desempeño de γ y α se acercan a 0. Adicionalmente, la dispersión para el parámetro que controla el descenciente en el intervalo de exploración (α) es mayor que con respecto al parámetro que controla el cruce del intervalo de explotación (γ).

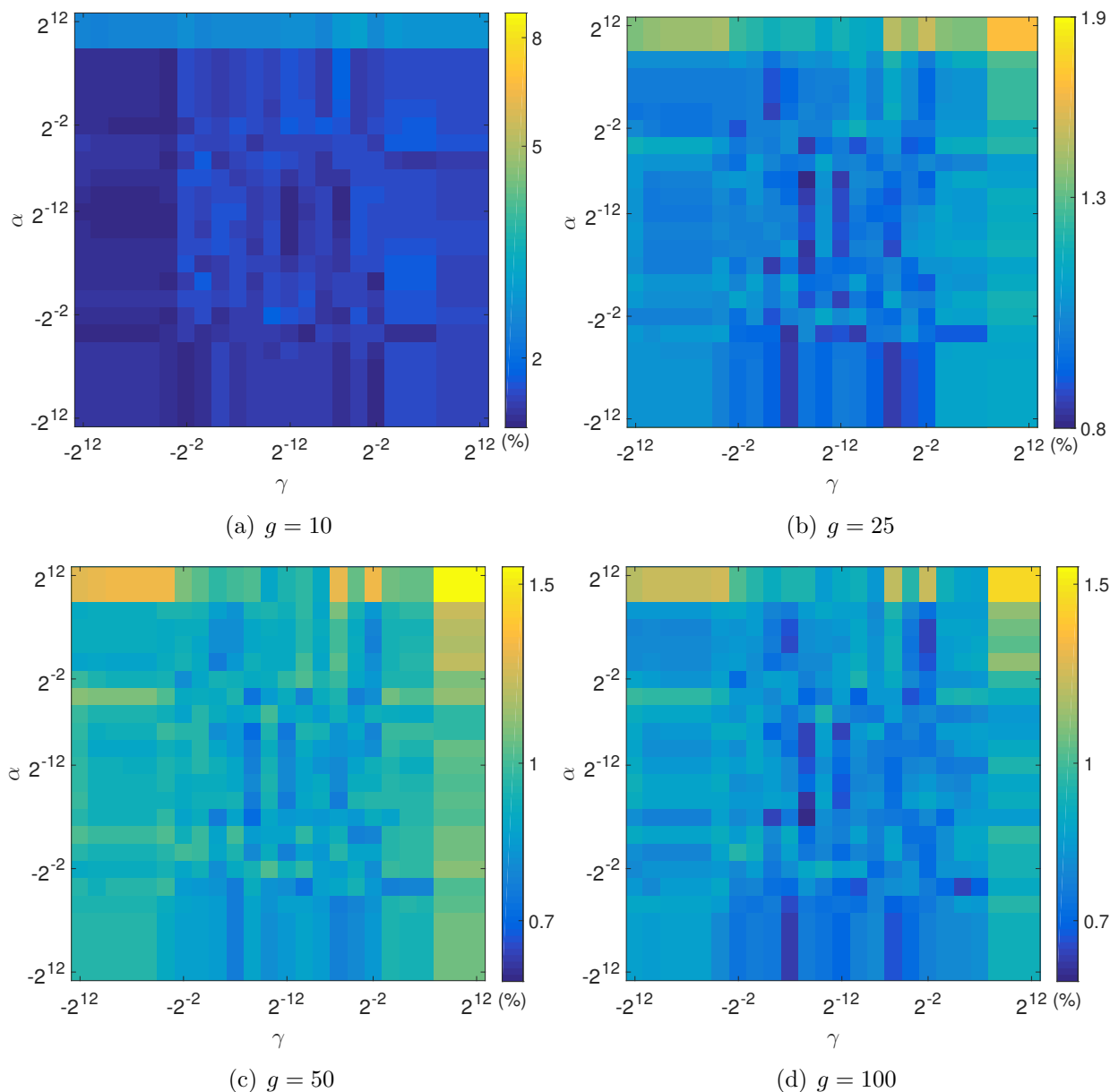


Figura 5-12: Errores del mejor individuo, promediados por 50 semillas, en función de los parámetros α y γ que controlan el cruce DHX.

5.1.5. Esquemas de selección

Del estudio de esquemas de cruce y mutación de la sección anterior se puede deducir que el RCGA con esquema de cruce del tipo DHX y esquema de mutación *Clock-polinomial* es el que mejor desempeño presenta. Utilizando los mismos parámetros de implementación presentados en la Tabla 5-3, con $\alpha = 2^4$ y $\gamma = 2^{-4}$, a continuación se presenta la comparación de dos esquemas de selección: Torneo (Goldberg y Deb, 1991) y Selección proporcional a la

función aptitud con SA (Stoffa y Sen, 2013).

La función aptitud requerida para el esquema proporcional a la función aptitud se calcula a partir del error de cada modelo (Ecuación 4-16). Adicionalmente, la función de temperatura normalizada (empleada para diferenciar los valores de la función aptitud con el paso de las generaciones) es la que mejor desempeño presentó en Stoffa y Sen (1991), $T = (0,1)(0,99^{g-1})$, con g igual al número de generación.

La Figura 5-13 muestra la evolución de la media y la desviación estándar del error relativo porcentual del mejor modelo por generación, para 50 semillas de generación de números aleatorios, utilizando los esquemas de selección torneo, como en la sección precedente, y selección proporcional a la función aptitud con SA.

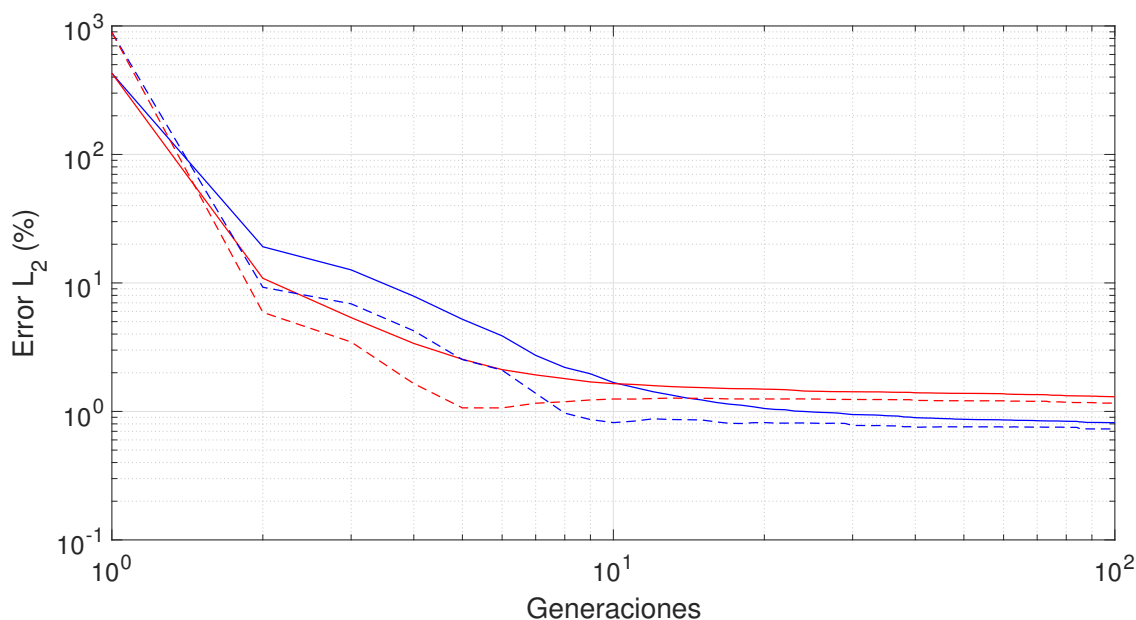


Figura 5-13: Evolución de la media (líneas continuas) y la desviación estándar (líneas discontinuas) del error relativo porcentual mínimo, utilizando la elección de reproductores tipo torneo (azul) (Goldberg y Deb, 1991) y selección proporcional a la función aptitud tipo SA (rojo) Stoffa y Sen (1991).

Tal como lo muestra la Figura 5-13, a pesar de la incorporación de la técnica SA para diferenciar los errores a medida que transcurren las generaciones, el desempeño de la selección proporcional a la función aptitud es inferior a la selección por torneo. Tras 100 generaciones, para 50 semillas de generación de números aleatorios, El error mínimo tiene una media de $\mu_S = 0,82\%$, con desviación estándar $\sigma_S = 0,73\%$ para el esquema de selección tipo torneo, y $\mu_S = 1,30\%$, con $\sigma_S = 1,16\%$ para la selección proporcional a la función aptitud-tipo SA. No obstante, este último esquema es aproximadamente 15 % más rápido (364.8 s) que

el esquema de selección tipo torneo (316.2 s).

Selección autoadaptativa

La Figura 5-14 muestra la evolución de la media del error mínimo, bajo los mismos parámetros de implementación de la sección anterior, como función del parámetro a que controla la función logística $g(d) = \frac{1}{1+\exp(-a(d-c))}$ utilizando el esquema de selección torneo. El rango de parámetros estudiado es $0,5 \leq a \leq 5$, ya que $g(d) = 1/2$ cuando $a = 0$ y 5 es el valor propuesto en (Fang y Yang, 2015).

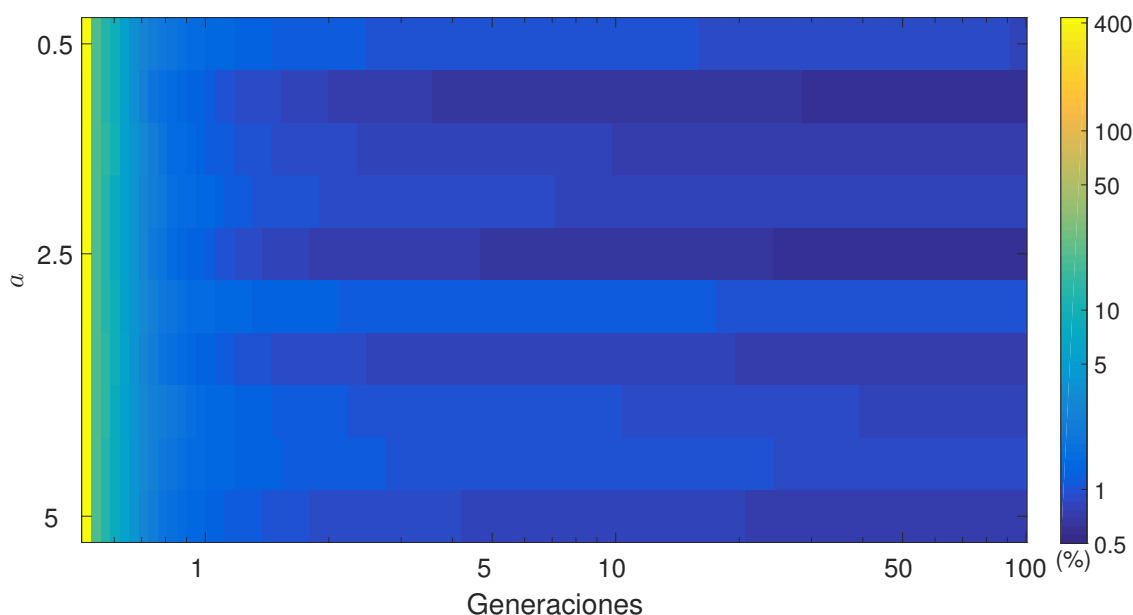


Figura 5-14: Evolución de la media del error relativo porcentual del mejor individuo como función del parámetro de autoadaptabilidad a , utilizando la selección tipo torneo.

De acuerdo con la Figura 5-14, el desempeño del RCGA-DHX-CM es ligeramente mayor cuando $a \leq 2,5$. La media del error alcanza el valor mínimo en $a = 2,5$, siendo $\mu_S = 0,58\%$.

De manera semejante, la Figura 5-15, muestra la evolución de la media del error mínimo, bajo los mismos parámetros de implementación de la sección anterior, como función del parámetro a utilizando el esquema de selección proporcional a la función aptitud tipo SA.

En contraste con la selección tipo torneo, la selección tipo SA muestra una tendencia hacia valores de $a \geq 2,5$. Para $a = 3,5$, la media del error alcanza el valor mínimo $\mu_S = 1,25\%$. La razón de este comportamiento yace en la desventaja que posee la selección proporcional

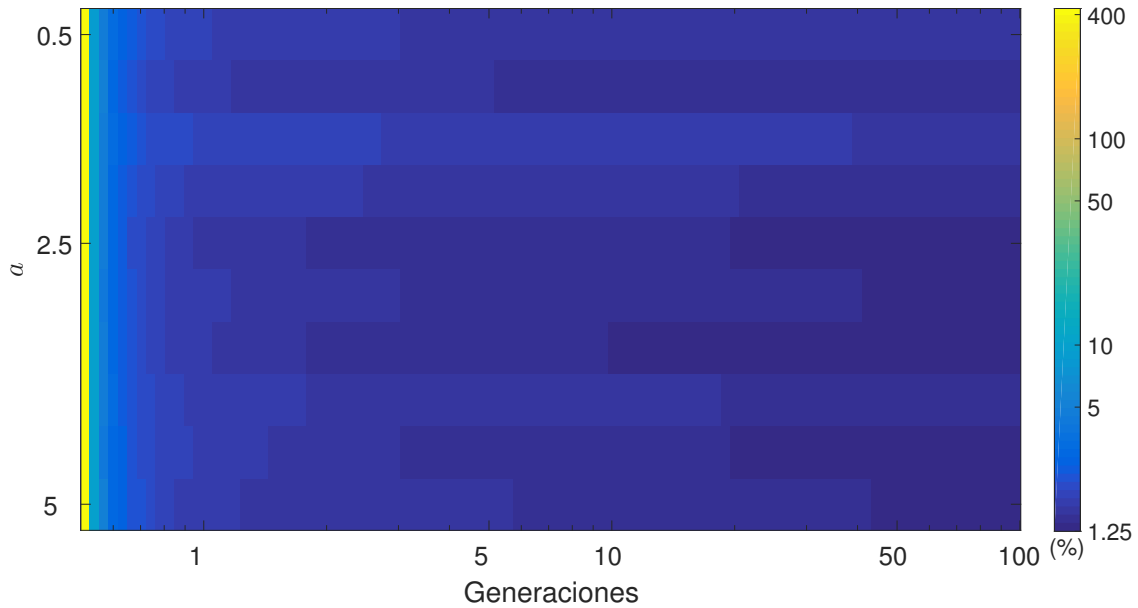


Figura 5-15: Evolución de la media del error relativo porcentual del mejor individuo como función del parámetro de autoadaptabilidad a , utilizando la selección proporcional a la función aptitud-tipo SA.

a la función aptitud: a medida que transcurren las generaciones, la dispersión del función de error, y por consiguiente de la función aptitud, se hace cada vez menor en la población de modelos. Esta proporcionalidad tiene como efecto que los mejores individuos se reproduzcan en proporciones similares menos aptos. De acuerdo con la Figura 5-15, la sinergia con la técnica de SA es una solución parcial a esta desventaja (Stoffa y Sen, 1991). El desempeño de este esquema de selección tiende a aumentar cuando se adaptan los errores (en función de la distancia al mejor individuo) con valores $a \geq 2,5$.

La Figura 5-16 muestra el efecto de la autoadaptividad óptima sobre la evolución de la media del error relativo porcentual para los esquemas de selección tipo torneo ($a = 2,5$) y selección proporcional a la función aptitud ($a = 3,5$).

El empleo de la función autoadaptativa no logra solucionar el problema de convergencia prematura presente en la selección proporcional a la función aptitud a pesar del empleo de la técnica SA. Cuando han transcurrido 10 generaciones, la media del error coincide para ambos esquemas y la función de autoadaptabilidad no ha generado ningún efecto sobresaliente en ninguno de los esquemas de selección. La función de autoadaptabilidad atenúa la pérdida de diversidad genética en generaciones posteriores cuando los errores se uniformizan y la selección de tipo torneo permite que los mejores individuos tengan las más altas tasas de reproducción. Como resultado, en la generación 100, $\mu_S = 0,58\%$ para la selección tipo torneo y $\mu_S = 1,25\%$.

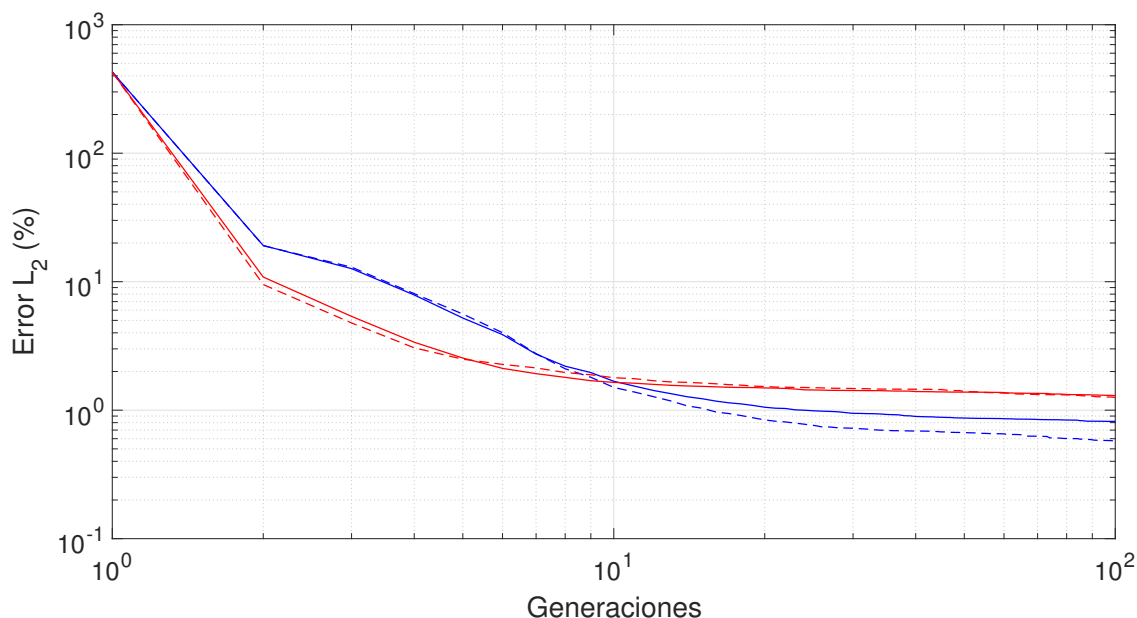


Figura 5-16: Evolución de la media del error relativo porcentual mínimo utilizando la selección de reproductores tipo torneo (azul, (Goldberg, 1989)) y la selección proporcional a la función aptitud tipo SA (rojo, Stoffa y Sen (1991)). Las líneas continuas corresponden a los esquemas de selección comparados en la Figura 5-13 y las líneas discontinuas, a sus versiones autoadaptativas óptimas con $a = 2, 5$ (torneo) y $a = 3, 5$ (fpSA).

5.2. Registros sintéticos de varias capas

Los resultados de la sección anterior demuestran que el desempeño de los algoritmos genéticos depende de la escogencia de los parámetros que controlan los esquemas de selección¹, cruce (η_c, α, γ) y mutación (η_m). Además, la sección anterior muestra que la función de error autoadaptativa (Ecuación 2-33) atenúa la pérdida de diversidad genética mejorando el desempeño de los algoritmos genéticos. La Tabla 5-4 lista las características principales de cuatro algoritmos genéticos que incorporan la función de error autoadaptativa y utilizan los esquemas y parámetros de mayor desempeño. Además, esta tabla detalla los parámetros de control de los esquemas de codificación (N_{bits}), las probabilidades de selección (p_s), cruce (p_c) y mutación (p_m) y el parámetro de autoadaptabilidad a . La actualización de la población es del tipo $\mu + \lambda$ para todos los algoritmos².

La Figura 5-17 presenta el modelo de siete capas paralelas (tres parámetros por capa:

¹La selección tipo torneo toma $n_{torneo} \geq 2$ modelos aleatoriamente ($n_{torneo} \geq 2$), los compara y anexa el mejor modelo a la lista de reproductores. La Tabla 5-4 utiliza *torneo pares* para referirse a $n_{torneo} = 2$.

²La actualización $\mu + \lambda$ consiste en seleccionar los mejores μ modelos entre la población actual (μ individuos) y la descendencia (λ modelos).

Tabla 5-4: Características principales de los algoritmos genéticos autoapataivos diseñados (BCGA, HCGA, RCGASBX y RCGADHX) incluyendo esquemas de selección, cruce, mutación y actualización de la población y parámetros de control. l es el número de capas.

Propiedad	Algoritmo			
	BCGA	HCGA	RCGASBX	RCGADHX
Codificación	Binaria (B)	Real/Binaria	Real	Real
Generaciones, tamaño de población, bits (N_{bits})	$g = 500$ $\mu = 100$ $N_{bits} = 4$	$g = 500$ $\mu = 100$ $N_{bits} = 4$	$g = 500$ $\mu = 100$	$g = 500$ $\mu = 100$
Selección de reproductores	Torneo pares	Torneo pares	Torneo pares	Torneo pares
Esquema de cruce	C7: una misma posición de cruce para cada parámetro. (B)	C4: cruce uniforme. (B)	Simulated Binary Crossover. (R)	Dynamic Heuristic Crossover. (R)
Parámetro(s) de cruce: intervalo(s) y valor(es) óptimo(s)	—	—	$0 \leq \eta_c \leq 2$ $\eta_c = 1$	$2^{-6} \leq \alpha \leq 2^4$ $-2^{-6} \leq \gamma \leq 2^{-12}$ $\alpha = -2^{-8}$ $\gamma = -2^{-10}$
Esquema de mutación	Binario (B)	Polinomial Clock Mutation -for. (R)	Polinomial Clock Mutation -for. (R)	Polinomial Clock Mutation -for. (R)
Parámetro de mutación: Intervalo y valor óptimo	—	—	$5 \leq \eta_m \leq 14$ $\eta_m = 9$	$5 \leq \eta_m \leq 14$ $\eta_m = 9$
Proba. de selección, cruce y de mutación	$p_s = 0,6$ $p_c = 0,6$ $p_m = 1/(3lN_{bits})$	$p_s = 0,6$ $p_c = 0,6$ $p_m = 1/3l$	$p_s = 0,6$ $p_c = 0,6$ $p_m = 1/3l$	$p_s = 0,6$ $p_c = 0,6$ $p_m = 1/3l$
Función de error	L_2 - relativo porcentual por muestra	L_2 - relativo porcentual por muestra	L_2 - relativo porcentual por muestra	L_2 - relativo porcentual por muestra
Parámetro función de autoadaptabilidad	$a = 2,5$	$a = 2,5$	$a = 2,5$	$a = 2,5$
Actualización de la población	$\mu + \lambda$ ($\lambda = 2\mu + 2$)	$\mu + \lambda$ ($\lambda = 2\mu + 2$)	$\mu + \lambda$ ($\lambda = 2\mu + 2$)	$\mu + \lambda$ ($\lambda = 2\mu + 2$)

velocidad de onda compresional, velocidad de onda de cizalla y densidad) y los valores de referencia que definen el espacio de búsqueda de los algoritmos a implementar. Además,

esta tabla muestra los tiempos de viaje asociados (twt) a cada reflector y las velocidades cuadráticas medias v_{rms} . Los valores de referencia α^0 y ρ^0 son constantes para cada capa mientras que V_P^0 es el resultado de invertir v_{rms} conforme al procedimiento que describen las ecuaciones (4-4) y (4-5). Por otra parte, la magnitud de los semi intervalos δV_P , $\delta\alpha$ y $\delta\rho$ es igual para todas las capas y junto a los valores de referencia definen el espacio de búsqueda (V_P, α, ρ) para cada capa (*i. e.* $V_P^0 - \delta V_P \leq V_{P1} \leq V_P^0 + \delta V_P$).

Tabla 5-5: Detalles de la simulación de coeficientes de reflectividad sintéticos: modelo y valores de referencia de búsqueda para siete capas planas horizontales; tiempos de viaje (twt) y velocidades cuadráticas medias (v_{rms}) asociados a cada reflector y rango de *Offset*.

Capa/ reflector	V_P (m/s)	V_S (m/s)	ρ (kg/m ³)	α	V_P^0 (δV_P) (m/s)	α^0 ($\delta\alpha$)	ρ^0 ($\delta\rho$) (kg/m ³)	twt (s)	v_{rms} (m/s)
1	2.200	730	2.160	0,440	2.200 (45)	0,65 (0,3)	2150 (150)	0,502	2.200
2	1.980	810	2.100	0,669	1.980 (45)	0,65 (0,3)	2150 (150)	0,704	2.139
3	2.220	900	2.160	0,657	2.220 (45)	0,65 (0,3)	2150 (150)	0,740	2.143
4	2.180	1.000	2.160	0,842	2.180 (45)	0,65 (0,3)	2150 (150)	0,768	2.145
5	2.420	980	2.300	0,656	2.420 (45)	0,65 (0,3)	2150 (150)	0,874	2.180
6	2.660	1.090	2.200	0,672	2.660 (45)	0,65 (0,3)	2150 (150)	0,910	2.201
7	2.480	980	2.000	0,625	2.660 (45)	0,65 (0,3)	2150 (150)	—	—
<i>Offset</i> mín. (m)		0	<i>Offset</i> máx. (m)		3000	Intervalo de grupo (m)		15	

La variaciones relativas de los parámetros del modelo con el que se generaron las reflectividades sintéticas mostradas en $((\delta V_P)/\langle V_P \rangle)$ son menores al 10% para todas las interfaces. De esta forma, el modelo satisface la aplicabilidad de la ecuación (Ecuación 3-2). Teniendo en cuenta que el trazado de rayos y, por ende, los ángulos de incidencia sobre los reflectores dependen del modelo de velocidad de onda P, la magnitud del intervalo de búsqueda de la velocidad de onda P (δV_P) es inferior al 5% del valor medio de V_P . El rango de *Offset* utilizado en la simulación es amplio para aumentar el número de muestras válidas por reflector (véase Ecuación 4-12). De esta forma, la capacidad de estimación de la velocidad de onda S a través del algoritmo de inversión mejora.

La Figura 5-18 muestra los resultados de los algoritmos de inversión que emplean la codificación binaria, BCGA y HCGA, implementados con los parámetros consignados en la Tabla 5-4 y utilizando la ecuación Ecuación 3-2 para generar los coeficientes sintéticos de reflectividad. El intervalo de búsqueda de V_P para la última capa está desfasado del valor con del modelo. Excluyendo los resultados de la inversión de la última capa, el error relativo al modelo es inferior a 2,3% (5,5%) para V_P (ρ) en todas las capas, para algoritmos BCGA

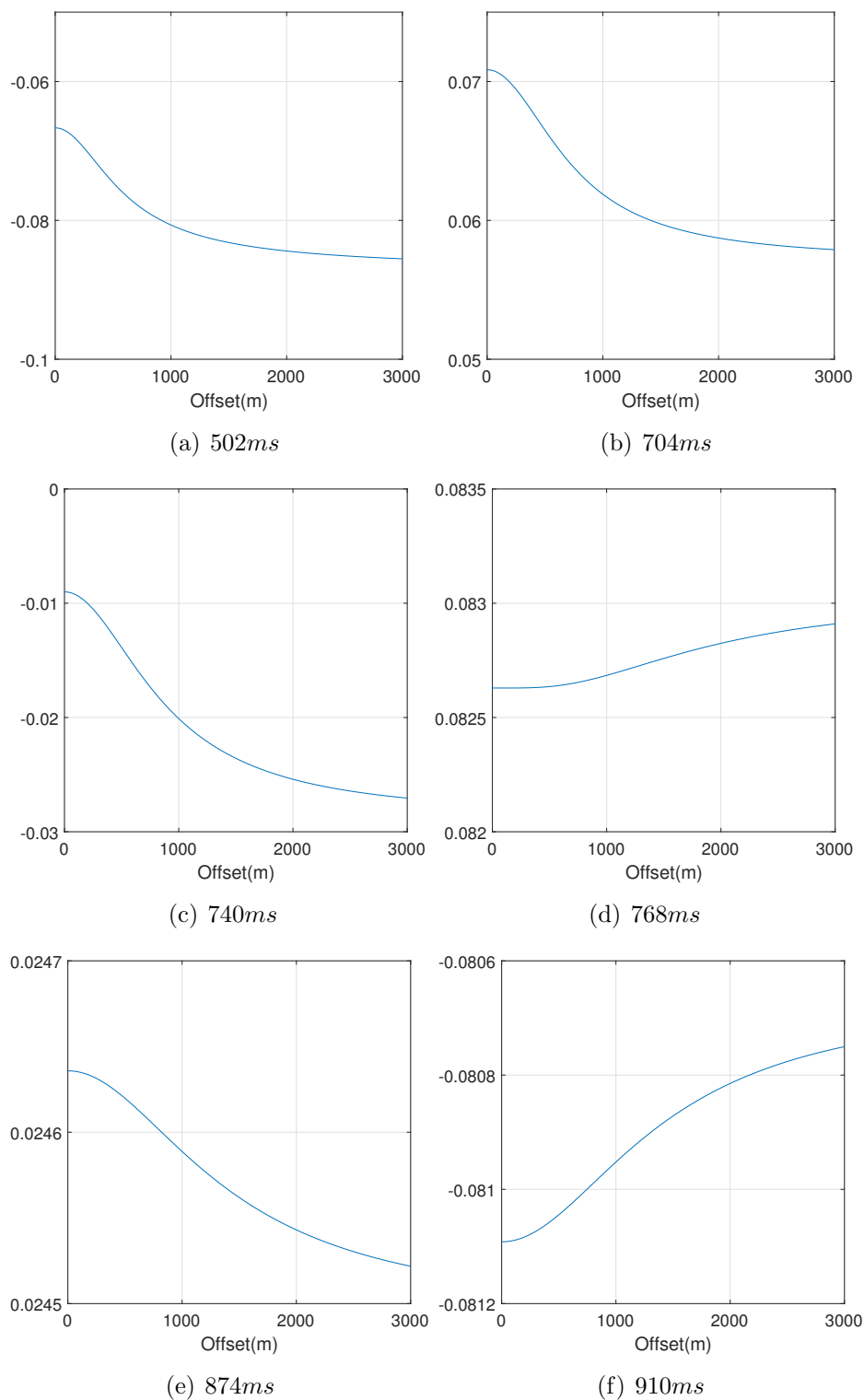


Figura 5-17: Coeficientes de reflectividad sintéticos generados utilizando la Ecuación 3-2 sobre el modelo que muestra la tabla .

y HCGA. A pesar de que los errores en los coeficientes de reflectividad (Ecuación 4-12) no difieren significativamente (7,55% para BCGA y 7,25% para HCGA), los resultados de la inversión son mejores para el algoritmo HCGA. El error relativo de V_S está entre 5% y 17,5% para el algoritmo BCGA. Para el algoritmo HCGA, el error es menor al 10% para las primeras seis capas a excepción de la quinta capa (14%).

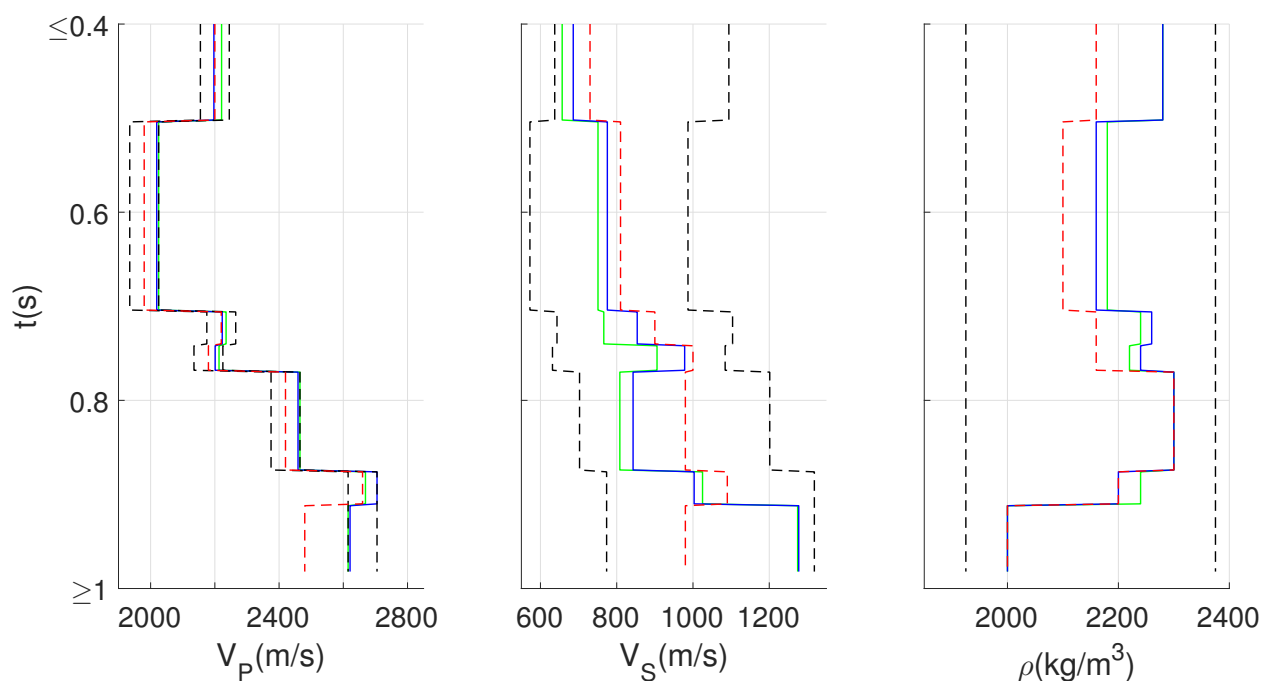


Figura 5-18: Resultados de la inversión de los coeficientes de reflectividad simulados a partir del modelo de siete capas planas horizontales (Figura 5-17) bajo los parámetros de implementación listados en la Tabla 5-4, para BCGA (verde) y HCGA (azul). Las líneas discontinuas rojas (negras) indican el modelo (espacio de búsqueda).

La Figura 5-19 muestra los resultados de los algoritmos de inversión que emplean la codificación real, RCGASBX y RCGADHX, implementados con los parámetros consignados en la Tabla 5-4 y utilizando la ecuación Ecuación 3-2 para generar los coeficientes sintéticos de reflectividad. El error de los coeficientes de reflectividad (Ecuación 4-12) respecto al modelo es menor para el algoritmo RCGASBX (0,13%) en comparación con el algoritmo RCGADHX (4,8%). No obstante, como muestra la Figura 5-19 los resultados de la inversión del algoritmo RCGADHX son mejores que los del algoritmo RCGASBX. Excluyendo los resultados de la última capa, el error del RCGADHX relativo al modelo, varía entre 0% y 7% para todos los parámetros de todas las capas. Por su parte, el error, relativo al modelo, de V_S alcanza 19% para RCGASBX en la primera capa. En este parámetro, RCGASBX tiene un desempeño bajo ya que para la mayoría de las capas el error supera el 10%.

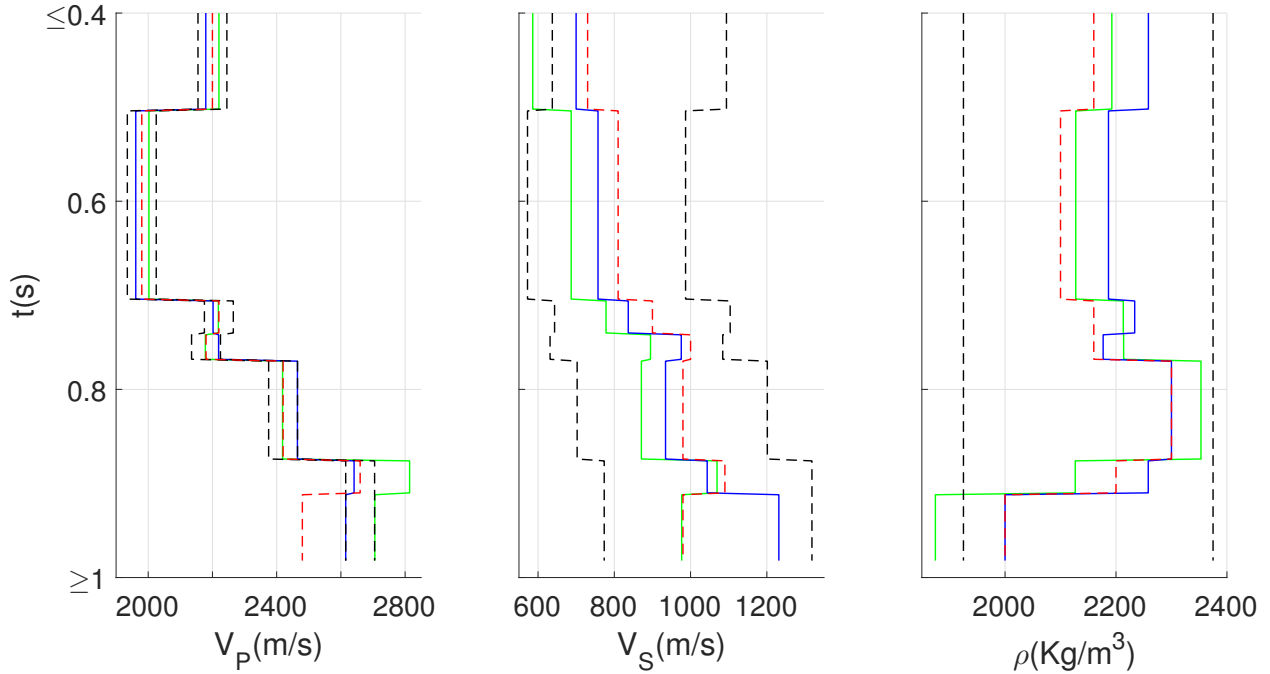


Figura 5-19: Resultados de la inversión de los coeficientes de reflectividad simulados a partir del modelo de siete capas planas horizontales (Figura 5-17) bajo los parámetros de implementación listados en la Tabla 5-4, para RCGASBX (verde) y RCGADHX (azul). Las líneas discontinuas rojas (negras) indican el modelo (espacio de búsqueda).

En el cruce los resultados del cruce no están acotados por el intervalo de búsqueda. Como resultado, los modelos pueden encontrarse en el exterior del espacio de búsqueda. Esta desventaja es particularmente observable cuando el parámetro que controla la dispersión, η_c , es próximo a cero. Esta desventaja está presente en los resultados de inversión que muestra la Figura 5-19 para la onda P y la densidad, en la última capa, y de la onda S, en la primera capa.

5.3. Implementación en registros reales

5.3.1. Descripción general de los registros sísmicos y de pozo

Considerando que el modelamiento directo emplea un trazado de rayos de capas planas, horizontales y paralelas, los algoritmos de inversión desarrollados en el presente trabajo son aplicables en ambientes de depositación tranquila, de baja complejidad estructural que posean buzamientos inferiores al 2%. La Figura 5-20 muestra la sección apilada de una línea

sísmica adquirida en la región de los Llanos Orientales.

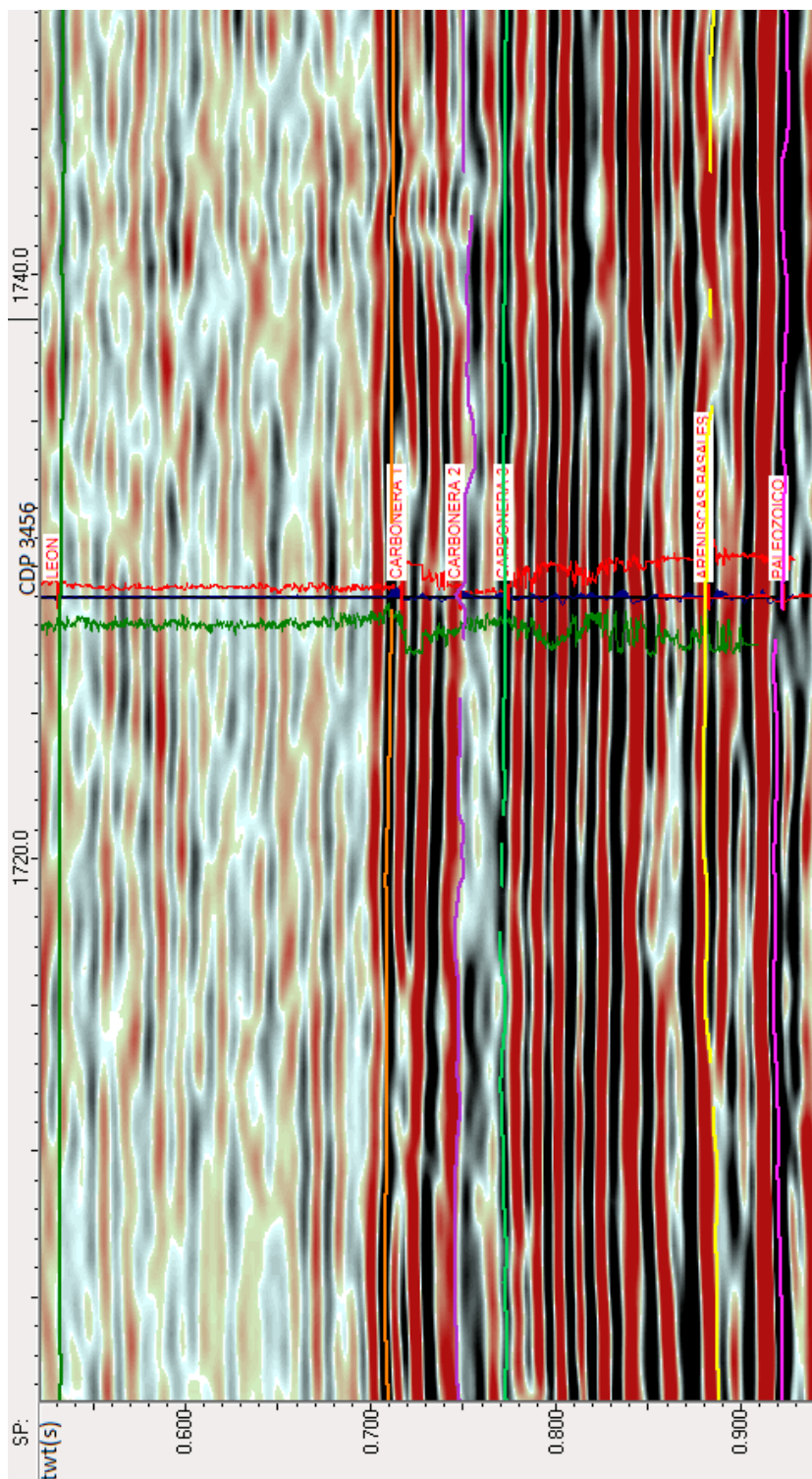


Figura 5-20: Sección apilada. En rojo, verde y azul se muestran los perfiles de velocidad de onda P, de velocidad de onda S y de densidad. El CDP más cercano a la posición de pozo es el CDP número 3456.

La Tabla 5-6 lista los parámetros de adquisición esta línea sísmica.

Tabla 5-6: Parámetros de adquisición de la línea sísmica (Figura 5-20)

Número de estaciones fuente	798
Número de estaciones receptoras	1.202
Número total de trazas	157.523
Intervalo de estaciones fuentes (m)	22,5
Intervalo de estaciones receptoras (m)	15
Longitud total de línea (m)	18000
Tasa de muestreo (s)	2
Longitud de registro (s)	7,166
Offset mínimo (m)	30
Offset máximo (m)	1.433
Número de canales arreglo	192
Tipo de fuente	Sismigel
Carga (g)	900
Profundidad de carga (m)	6
Tipo de arreglo	Split-Spread Simétrico
Fold máximo	50

5.3.2. Procesamiento de pozos

La aplicación del procedimiento descrito por Liner (2014) para transformar los registros de pozo (Figura 5-21) al rango de frecuencias del método sísmico. La Ecuación 3-6 posibilita la obtención de los registros de alta frecuencia asociados a las ondas principal y secundaria, presentados en la Figura 5-22 a partir de los registros sónicos. La aplicación el promedio móvil de Backus, en una ventana de tamaño $L_B = 25$ m, resulta en las curvas de baja frecuencia que muestra la Figura 5-22. La frecuencia máxima asociada a la velocidad de onda P (S) pasa de ser 22 kHz (12 kHz) a 117 Hz (59 Hz). Estas curvas representan modelos efectivos de las velocidades de propagación de las ondas principal y secundaria en el rango sísmico, por consiguiente, son comparables con los resultados de la inversión sísmica.

Por otra parte, como lo muestra la Figura 5-22, las amplitudes de las ondas experimentan una pérdida por efecto de dispersión. El factor de compensación por este efecto es $1/A_P$. La Tabla 5-7 muestra las profundidades de los reflectores, el tiempo de viaje y los factores de compensación que corrigen las amplitudes en los registros sísmicos previo a la inversión sísmica.

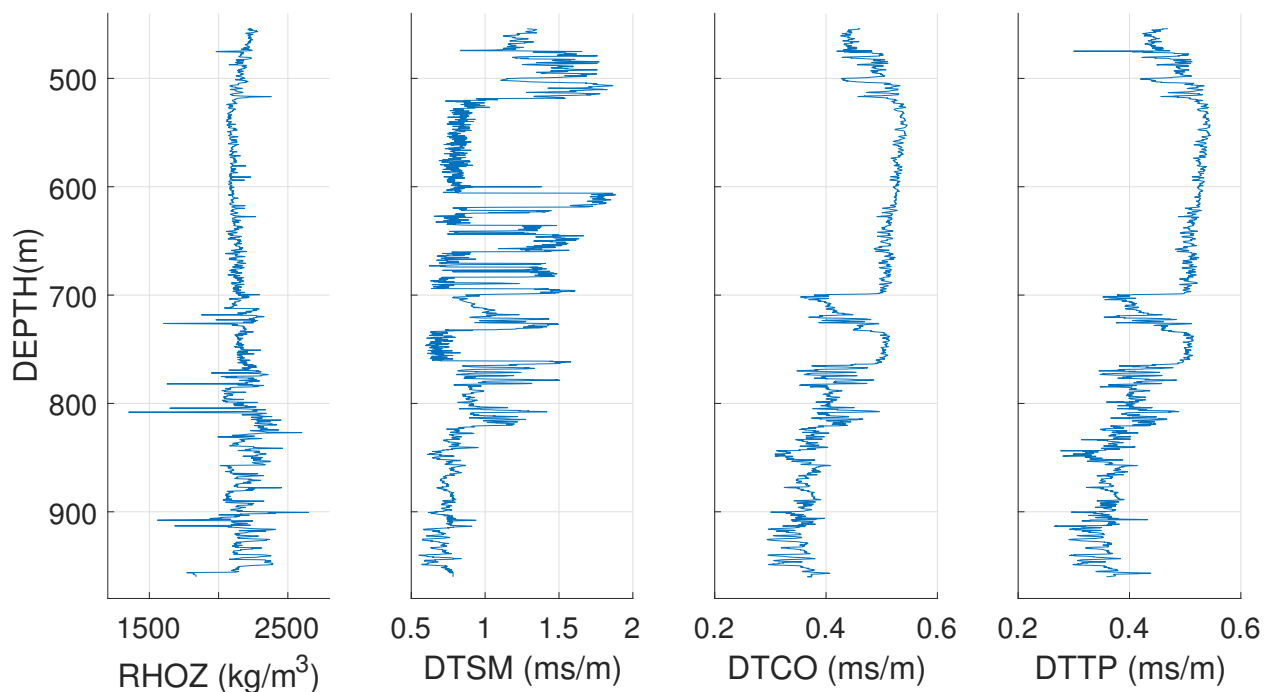


Figura 5-21: Registros sónicos y de densidad adquiridos en el CDP 3456.

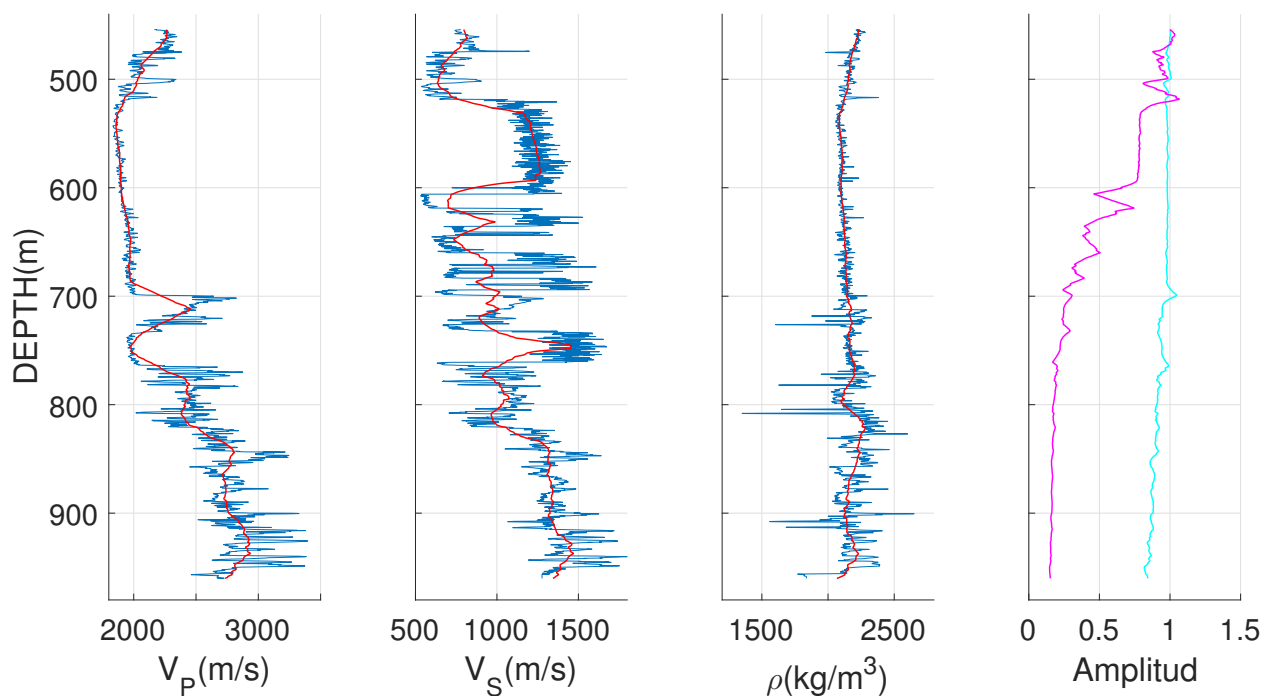


Figura 5-22: Promedio de Backus V_{PB} , V_{SB} y ρ_B (rojo) de las curvas de velocidad de onda V y S y densidad. El medio efectivo consistente con el rango sísmico produce la atenuación de la amplitud de onda P (cian) y S (magenta) (Liner, 2014).

Tabla 5-7: Profundidades de los topes de las formaciones, tiempos de viaje a cada reflector (amarre con sísmica-pozo realizado por Buitrago (2016)) y factores de compensación por pérdida en la amplitud de la onda P (A_P) que incide en cada reflector.

Formación/Unidad	Prof. Tope (m)	Reflector	twt (s)	V_{rms} (m/s)	A_P	Factor de corrección
Guayabo (G)	—	—	—	—	—	—
León (L)	519,7	G-L	0,510	2.080	0,968	1,033
Carbonera/C1	699,2	L-C1	0,710	2.055	1,000	1,000
Carbonera/C2	734,0	C1-C2	0,742	2.072	0,915	1,093
Carbonera/C3	763,8	C2-C3	0,774	2.066	0,987	1,014
Areniscas Basales (AB)	902,2	C3-AB	0,870	2.129	0,864	1,157
Paleozoico (P)	955,9	P	0,912	2.168	0,836	1,197

5.3.3. Picado de reflectores

La Figura 5-23 muestra el picado en el registro CDP 3400³ de los seis reflectores de interés que lista la Tabla 5-7. La herramienta de picado selecciona el máximo o mínimo de amplitud en una ventana de cinco muestras (8 ms) entorno al valor picado.

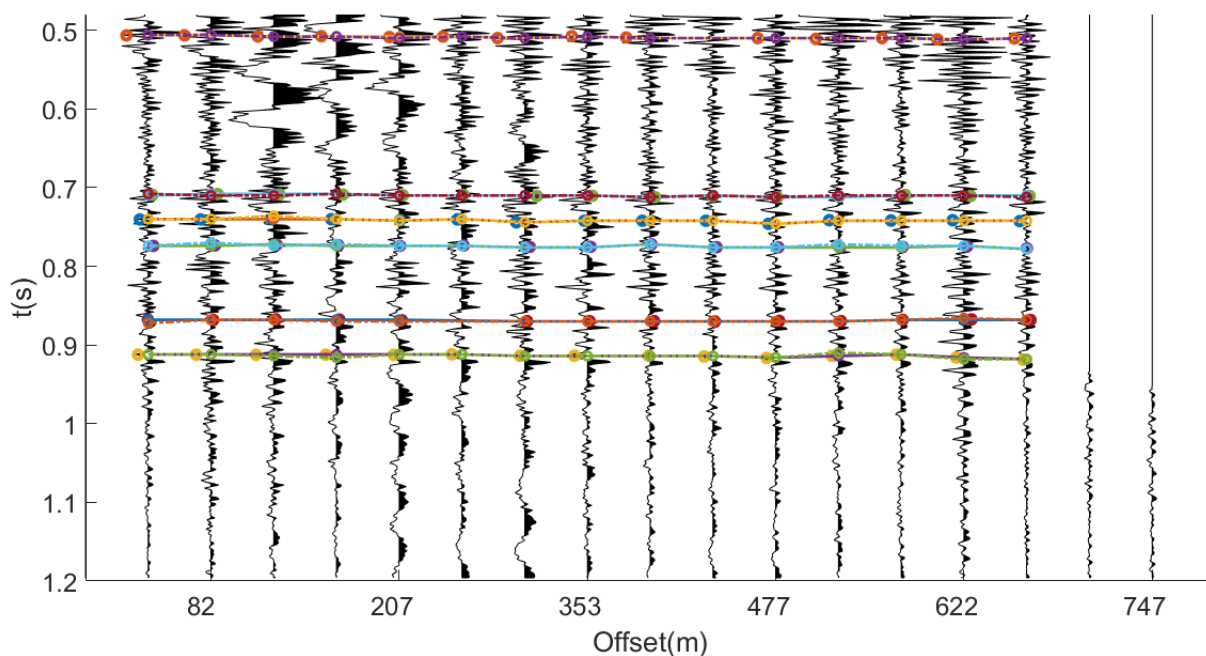


Figura 5-23: Picado de amplitudes, CDP 3400 procesado, sobre los reflectores de interés (de arriba hacia abajo: G-L, L-C1, C1-C2, C2-C3, C3-AB y AB-P).

³Registro de mayor calidad más cercano al pozo ubicado en el CDP 3456.

5.3.4. Inversión de coeficientes de reflectividad reales

La inversión sísmica a través de los algoritmos genéticos BCGA, HCGA, RCGASBX y RC-GADHX (Tabla 5-4) tiene por entrada los coeficientes de reflectividad reales picados en el CDP 3400, corregidos por el factor de compensación, y la velocidad cuadrática media (Tabla 5-7). La Tabla 5-4 lista los parámetros de implementación de la inversión sísmica. Como en la implementación en coeficientes sintéticos de reflectividad, la inversión del perfil v_{rms} , utilizando la fórmula de Dix (Ecuación 4-4), permite establecer los valores de referencia del espacio de búsqueda de la velocidad de onda (V_P^0) para cada capa. Para todas las capas, $\delta V_P = 90$ m/s, $\alpha^0 = 1,15$, $\delta\alpha = 0,75$, $\rho^0 = 2050$ kg/m³ y $\delta\rho = 225$ kg/m³.

La Figura 5-24 presenta los resultados de la inversión de los coeficientes de reflectividad reales, a través de los algoritmos BCGA y HCGA en comparación con los promedios de Backus (Figura 5-22) de la información de pozo.

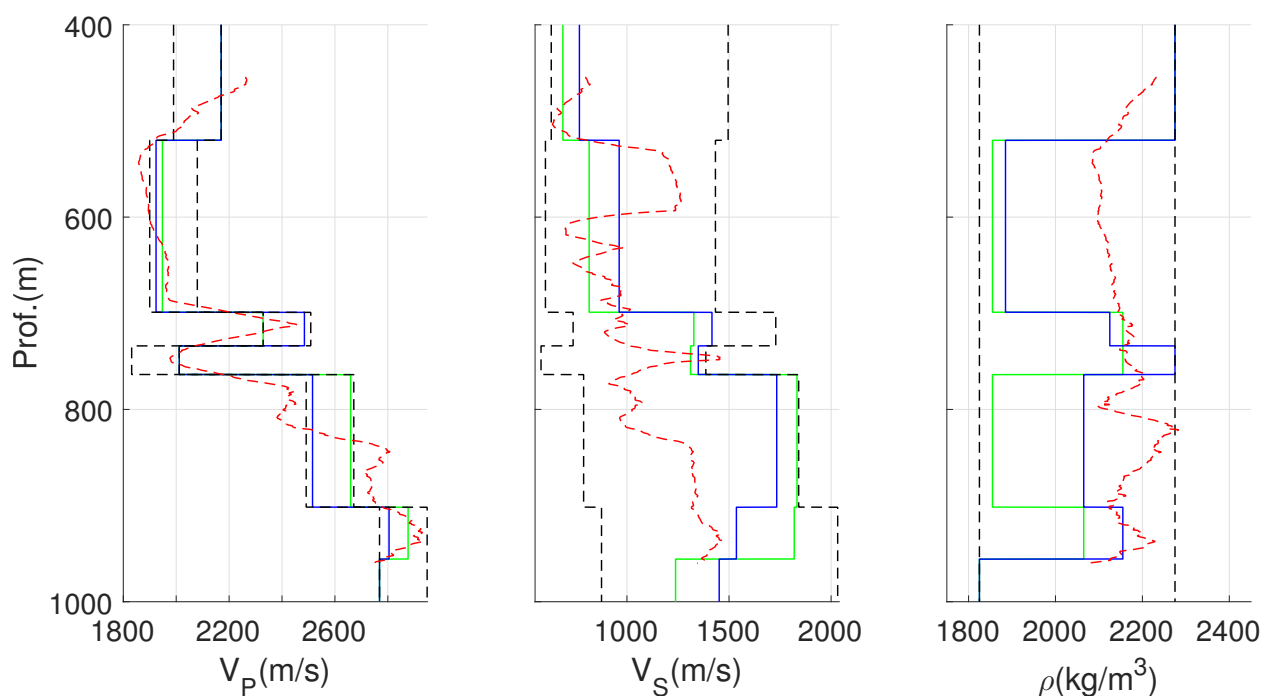


Figura 5-24: Resultados de la inversión de los coeficientes de reflectividad picados y corregidos del CDP 3400, bajo los parámetros de implementación listados en la Tabla 5-4, para BCGA (verde) y HCGA (azul). Las líneas discontinuas rojas (negras) indican el promedio de Backus (espacio de búsqueda).

Los algoritmos BCGA y HCGA estiman correctamente la velocidad de onda P con diferencias significativas entre sí solamente en la unidad C3. Los estimativos de la velocidad de onda S son muy aproximados a pesar del amplio espacio de búsqueda de este parámetro,

salvo en las unidades C1 y C3. Los estimativos de la densidad difieren significativamente del promedio de Backus en la formación León para ambos algoritmos y en la unidad C3, para el BCGA. El desempeño del algoritmo genético híbrido, en la mayoría de las formaciones.

La Figura 5-25 muestra los resultados de la inversión de coeficientes de reflectividad reales, utilizando los algoritmos de codificación real RCGASBX y RCGADHX. Los resultados de la inversión para la velocidad de onda P ajustan el promedio Backus para todas las capas. Los estimativos de la velocidad de onda S son próximos a los promedios de Backus en para todas las capas salvo para la capa C3. Como en HCGA y BCGA, las estimaciones de la densidad son incorrectos en León y C3. Dado que la calidad y la cantidad de coeficientes de reflectividad reales es menor que en sintéticos, la probabilidad de que el resultado del algoritmo RCGASBX de la inversión, para un parámetro esté en el del espacio de búsqueda es mayor. La Figura 5-25 muestra este desfase indistintamente para las primeras y últimas capas. La desviación es está presente en las capas profundas (P, AB, C3) para V_S y en las capas someras para (G, L) para V_P . Por su parte, la densidad presenta desfases en Guayabo y Paleozoico. Los desfases de V_S son los que mayor magnitud tienen en contraste con V_P .

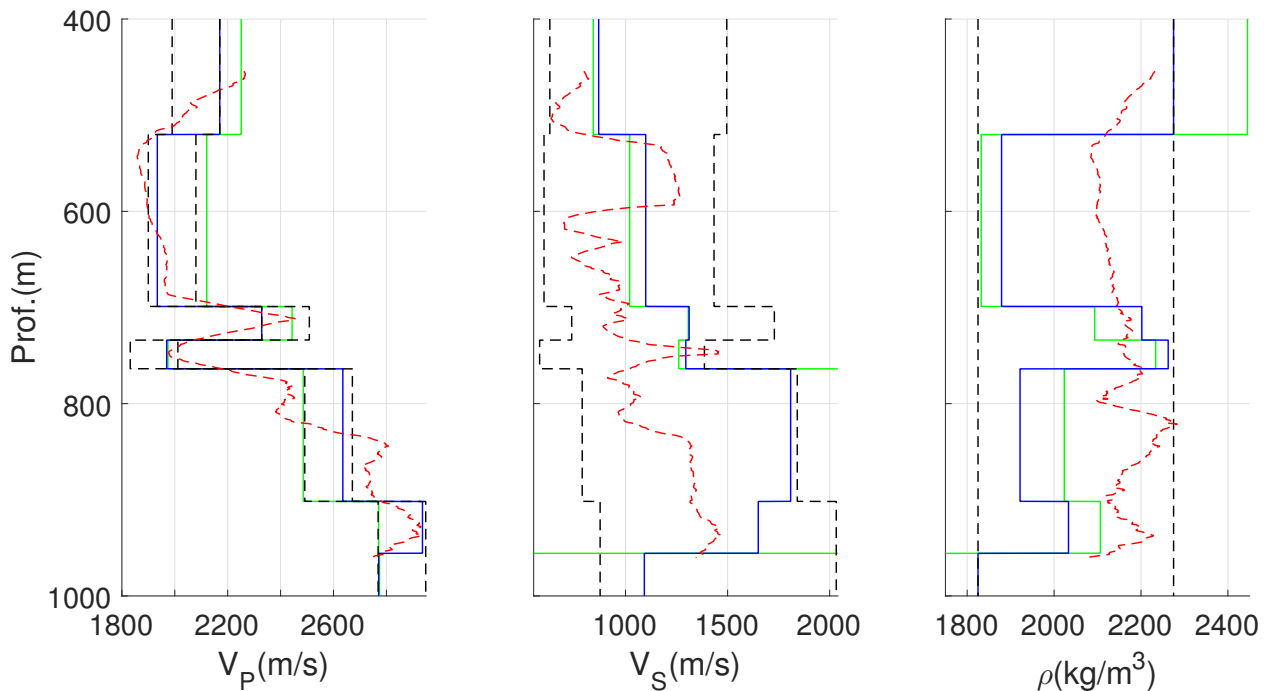


Figura 5-25: Resultados de la inversión de los coeficientes de reflectividad simulados a partir del modelo de siete capas planas horizontales (Figura 5-17) bajo los parámetros de implementación listados en la Tabla 5-4, para RCGASBX (verde) y RCGADHX (azul). Las líneas discontinuas rojas (negras) indican el modelo (espacio de búsqueda).

6 Conclusiones y recomendaciones

6.1. Conclusiones

El estudio de las codificaciones binaria y real de los algoritmos genéticos, permite explorar las ventajas de cada codificación. La codificación binaria permite definir varios tipos de cruce aplicados específicamente al problema de inversión sísmica. Por otra parte, el empleo del esquema de mutación real *Clock Mutation* polinomial disminuye el tiempo de cómputo aproximadamente en 96 %, y de acuerdo con los resultados de inversión de coeficientes de reflectividad sintéticos y reales, posee mejor desempeño. El desempeño del esquema *Clock Mutation* puede aumentar al considerar distintas condiciones de finalización al esquema propuesto por Deb y Deb (2014), como por ejemplo, la condición de finalización/actualización de tipo *for* (Ecuación 5-2). Las pruebas en el modelo de dos capa, 50 semillas de generación de números aleatorios, permitieron establecer un rango óptimo del parámetro de mutación que controla la dispersión: $5 \leq \eta_m \leq 14$.

Los resultados sintéticos en el modelo de una capa permitieron establecer un rango óptimo para el parámetro que controla el cruce SBX: $0 \leq \eta_c \leq 2$. Este cruce no es acotado en el sentido de poseer la propiedad de explorar modelos en el exterior del espacio de búsqueda. Así lo manifestaron los resultados de inversión de coeficientes de reflectividad sintéticos y reales en capas múltiples.

El resultado de generalizar paramétricamente la función de convergencia $\delta_{\mathcal{M}(\mathcal{F},\mathcal{S})}$ en el cruce dinámico heurístico propuesto por Herrera *et al.* (1996), es el control de la convergencia de los descendientes a través del parámetro γ y α en los intervalos de exploración y explotación, respectivamente. Las pruebas en un modelo de dos capas permitieron establecer un rango óptimo de implementación de la versión paramétrica cruce dinámico heurístico $2^{-6} \leq \alpha \leq 2^4$ y $-2^{-6} \leq \gamma \leq 2^{-12}$. El resultado de la implementación de coeficientes de reflectividad sintéticos y reales logró demostrar la ventaja del cruce DHX sobre los otros esquemas: la convergencia del par de descendientes hacia el mejor de sus progenitores evoluciona con el transcurso de las generaciones. Las pruebas con coeficientes sintéticos de reflectividad en un modelo de siete capas arrojaron errores inferiores al 7% para todos los parámetros. Este error es hasta cuatro veces inferior a la mayoría de estimaciones de los algoritmos genéticos RCGASBX, HCGA y BCGA. Implementado en un CDP de una línea sísmica 2D, el cruce dinámico heurístico es el que mayor ajuste tiene con los registros reales a pesar de que la

calidad de las amplitudes reales es limitada que el número de amplitudes comparables ajustables con la Ecuación 3-2 es doce veces inferior a las pruebas sintéticas.

La sinergia de los algoritmos estudiados con técnicas de inteligencia artificial es limitada. Por ejemplo, el empleo de la técnica SA a la selección proporcional a la función aptitud (Stoffa y Sen, 1991) no logra atenuar los problemas de diversidad genética propios de este esquema de selección y su desempeño es significativamente inferior al esquema de selección tipo torneo. Por otra parte, la implementación de la función autoadaptativa en la función error logra disminuir la pérdida de diversidad genética.

El flujo de procesamiento propuesto permite preservar las amplitudes y atenuar fenómenos físicos como la divergencia esférica. La conversión de modo de onda excede los alcances del presente trabajo y puede mejorar el ajuste de trazas simuladas y reales. El modelamiento directo de coeficientes de reflectividad toma en consideración la recepción oblicua de la onda y la pérdida de amplitud causada en el descenso y el ascenso de la onda por la reflexión en reflectores suprayacentes. La inversión sísmica de coeficientes real toma en consideración la pérdida de la amplitud en la onda compresional causada al utilizar la teoría de Backus (Liner, 2014), el modelo de atenuación-dispersión, para transformar la información de pozo al rango de frecuencias del método sísmico.

6.2. Recomendaciones

El desempeño de los algoritmos que emplean la codificación binaria podría ser superior utilizando el esquema *Clock Mutation* adaptado a cadenas de bits. Por otra parte, el desempeño de los cruces binarios puede mejorar al crear versiones heurísticas de los mismos. Por ejemplo, si $C_1 = (c_1^{1t}, \dots, c_n^{1t})$ y $C_2 = (c_1^{2t}, \dots, c_n^{2t})$ son las cadenas de bits seleccionadas para cruzarse y el error de C_1 es menor que C_2 , entonces los descendientes se determinan como sigue:

$$h_i^{1t}(h_i^{2t}) = \begin{cases} c_1^{1t} & \text{si } u \leq \frac{e_2}{e_1+e_2} \\ c_2^{2t} & \text{si } u \geq \frac{e_1}{e_1+e_2} \end{cases} \quad (1 \leq i \leq n) \quad (6-1)$$

En donde u es una variable aleatoria uniformemente distribuida en $[0, 1]$ y n es el producto del número de parámetros y el número de bits.

Las principales limitaciones del algoritmo de inversión conciernen al método de modelamiento directo. Al utilizar un método de modelamiento directo más complejo (e. g. FWI), los algoritmo de inversión pueden aplicarse a modelos de mayor complejidad estructural. El *muting* aplicado después de realizar el aplanado de reflectores a través de corrección NMO, causa una pérdida importante en las amplitudes de los registros. La recomendación principal es picar las amplitudes en registros CDP o CI que no hayan sido corregidos por NMO.

Bibliografía

- Aki, K. y Richards, P. G. (2002). *Quantitative Seismology*. Cambridge University Press, California.
- Biot, M. (1956). General solutions of the equations of elasticity and consolidation for a porous material. *Journal of Applied Mechanics*, 23:91–96.
- Blickle, T. y Thiele, L. (1997). A comparison of selection schemes used in genetic algorithms. *Evolutionary Computation*, 4(4):361–394.
- Buitrago, C. (2016). Caracterización de formación mediante relación vp/vs obtenidas con procesamiento de onda p y ps. Tesis de máster, Universidad Nacional de Colombia.
- Bäck, T., Fogel, D. B., y Michalewicz, Z. (2000). *Evolutionary Computation 1*. Institute of Physics Publishing, Bristol and Philadelphia.
- Chanjuan, L., Xingyao, Y., y Baoli, W. (2016). Seismic stochastic inversion based on hybrid genetic algorithm. En *SPG/SEG 2016 International Geophysical Conference, Beijing, China, 20-22 April*, pp. 386–388.
- Chen, C., Xia, J., Liu, J., y Feng, G. (2006). Nonlinear inversion of potential-field data using a hybrid-encoding genetic algorithm. *Computers & Geosciences*, 32:230–239.
- Chopra, S. y Castagna, J. P. (2014). *AVO*. Investigation in Geophysics Series No. 16. Society of Exploration Geophysicists, Tulsa, OK, USA.
- Deb, K. y Agrawal, R. B. (1995). Simulated binary crossover for continuous search space. *Complex Systems*, 9:115–148.
- Deb, K. y Deb, C. (2014). Analysing mutation schemes for real-parameter genetic algorithms. *Int. J. Artificial Intelligence and Soft Computing*, 4(1):1–28.
- Fang, Z. y Yang, D. (2015). Inversion of reservoir porosity, saturation, and permeability based on a robust hybrid genetic algorithm. *Geophysics*, 80(5):R265–R280.
- Gen, M. y Cheng, R. (2000). *Genetic Algorithms and engineering optimization*. John Wiley & Sons, Inc, New York.

- Goldberg, D. E. (1989). *Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning*. Addison-Wesley Publishing Company, Inc, USA.
- Goldberg, D. E. y Deb, K. (1991). A comparative analysis of selection schemes used in genetic algorithms. *Foundations of Genetic Algorithms*, 1:69–93.
- Gutiérrez, E. (2015). Optimización de un algoritmo genético para inversión sísmica 2d. Trabajo de grado, Universidad Nacional de Colombia.
- Herrera, F., Lozano, M., y Sánchez, A. M. (2003). A taxonomy for the crossover operator for real-coded genetic algorithms: An experimental study. *International Journal of Intelligent Systems*, 18:309–338.
- Herrera, F., Lozano, M., y Sánchez, A. M. (2005). Hybrid crossover operators for real-coded genetic algorithms: an experimental study. *Soft Comput*, 9:280–298.
- Herrera, F., Lozano, M., y Verdegay, J. L. (1996). Dynamic and heuristic fuzzy connectives-based crossover operators for controlling the diversity and convergence of real-coded genetic algorithms. *International Journal of Intelligent Systems*, 11:1013–1040.
- Holland, J. H. (1992). *Adaptation in natural and artificial systems: An Introductory Analysis with Applications to Biology, Control, and Artificial Intelligence*. MIT Press, USA.
- Ikelle, L. y Amundsen, L. (2005). *Introduction to Petroleum Seismology*. Society of Exploration Geophysicists, USA.
- Junyu, B., Zilong, X., Yunfei, X., y Tianshou, X. (2014). Nonlinear hybrid optimization algorithm for seismic impedance inversion. En *Beijing 2014 International Geophysical Conference & Exposition, Beijing, China, 21-24 April*, pp. 541–544.
- Liner, C. L. (2014). Long-wave elastic attenuation produced by horizontal layering. *The Leading Edge*, 33(6):634–638.
- Mallick, M. (1999). Some practical aspects of prestack waveform inversion using a genetic algorithm: An example from the east Texas Woodbine gas sand. *Geophysics*, 54(2):326–336.
- Mavko, G. y Mukerji, T. and Dvorkin, J. (2009). *The Rock Physics Handbook: Tools for Seismic Analysis in porous media*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Porsani, M. J., Stoffa, P. L., Sen, M. K., Chunduru, R., y Wood, T. W. (1993). Genetic inversion of AVO. En *SEG Technical Program Expanded Abstracts*, volumen I, pp. 692–695.

- Porsani, M. J. and Stoffa, P. L., Sen, M. K., y Chunduru, R. K. (2000). Fitness Functions, Genetic Algorithms and Hybrid Optimization in Seismic Waveform Inversion. *Journal of Seismic Exploration*, 9(2):143–164.
- Sambridge, M. y Drijkoningen, G. (1992). Genetic algorithms in seismic waveform inversion. *Geophys. J. Int.*, 109:323–342.
- Sen, M. K. y Stoffa, P. L. (1992). Genetic inversion of AVO. *The Leading Edge*, 11(1):27–29.
- Sendhoff, B., Kreutz, M., y von Seelen, W. (1997). A condition for the genotype–phenotype mapping: Causality. En *Proceedings of the Seventh International Conference on Genetic Algorithms (ICGA '97)*, pp. 73–80.
- Sheriff, R. E. y Geldart, L. P. (1995). *Exploration Seismology*. Cambridge University Press, New York.
- Smith, T. M. y Sondergeld, C. H. (2003). Gassmann fluid substitutions: A tutorial. *Geophysics*, 68(2):430–440.
- Stoffa, P. L. y Sen, M. K. (1991). Nonlinear multiparameter optimization using genetic algorithms: Inversion of plane-wave seismograms. *Geophysics*, 56(11):1794–1810.
- Stoffa, P. L. y Sen, M. K. (2013). *Global Optimization Methods in Geophysical Inversion*. Cambridge University Press, New York.
- Yilmaz, O. (2001). *Seismic Data Analysis*. Society of Exploration Geophysicists.
- Zong, Z., Yin, Z., y Wu, G. (2012). AVO inversion and poroelasticity with P- and S-wave moduli. *Geophysics*, 77(6):N17–N24.