

## 유전적 기법에 의한 지구물리자료의 역산

김 희 준\*

### Inversion of Geophysical Data Using Genetic Algorithms

Hee Joon Kim\*

**ABSTRACT:** Genetic algorithms are so named because they are analogous to biological processes. The model parameters are coded in binary form. The algorithm then starts with a randomly chosen population of models called chromosomes. The second step is to evaluate the fitness values of these models, measured by a correlation between data and synthetic for a particular model. Then, the three genetic processes of selection, crossover, and mutation are performed upon the model in sequence. Genetic algorithms share the favorable characteristics of random Monte Carlo over local optimization methods in that they do not require linearizing assumptions nor the calculation of partial derivatives, are independent of the misfit criterion, and avoid numerical instabilities associated with matrix inversion. An additional advantage over conventional methods such as iterative least squares is that the sampling is global, rather than local, thereby reducing the tendency to become entrapped in local minima and avoiding the dependency on an assumed starting model.

### 서 언

최근 비선형 최적화문제의 해법으로서 유전적기법 (Genetic Algorithm, GA)이 주목을 받고있다. 이것은 자연계에 존재하는 현상에서 힌트를 얻은 최적화 알고리즘으로서 현재 그 이론적 배경이나 각종 문제에 대한 적용성 등이 광범위하게 연구되고 있다. 지구물리탐사 분야에서도 주로 탄성과 반사법의 자료처리 및 해석을 위한 적용예가 최근 폭발적으로 늘어나는 추세이다.

화석을 연구해 보면 복잡한 생물들이 비교적 짧은 시간에 진화되었다는 사실을 알게 된다. 이 진화는 염색체 (chromosome), 즉 생물의 구조를 부호화 (코드화, encode)한 유기적 장치상에서 생긴다. 생물의 한 개체 (individual)는 염색체를 번역 (decode)하는 과정을 통해 만들어 진다고 할 수 있다. 염색체의 코드화와 번역의 상세한 과정은 완전하게 해명된 것은 아니지만 다음과 같은 개념이 일반적으로 널리 수용되고 있다.

· 진화는 생명체 그 자체가 아니라 그것을 부호화한 염색체를 조작하는 과정에서 이루어진다.

· 자연도태 (natural selection)는 염색체를 번역한 결과 만들어지는 생물구조와 환경과의 적응도 (fitness)를 결합하는

것이다. 자연도태에 의해 적응에 성공한 구조가 부호화된 염색체는 보다 빈번하게 재생된다. 그리고 이 재생의 과정에서 진화가 일어난다.

· 돌연변이 (mutation)에 의해 새끼의 염색체는 어미의 그것과 달라질 수 있다. 그리고 교차 (crossover) 과정을 통해 양 어미의 염색체 구성물질이 조합되어 전혀 새로운 염색체가 만들어진다.

· 생물학상의 진화는 기억을 갖지 않는다. 어떤 환경에 잘 적응하는 개체의 생성에 관한 모든 지식은 유전자 저장소 (염색체의 집합)와 염색체 번역기의 구조에 포함된다.

1970년 초 John Holland는 진화에 관한 이러한 특징에 흥미를 가졌다. 그리고 이것을 수치해석 알고리즘에 적절히 응용하면 자연이 진화를 통해 해은 것처럼 어려운 문제도 풀 수 있지 않을까 생각하고 2진수로 된 염색체를 컴퓨터 상에서 조작하는 방법에 대한 연구를 시작하였다. 그 결과 그는 좋은 염색체를 찾는 문제가 염색체 집단의 유사진화를 통해 염색체 구성물질을 랜덤 (random)하게 조작하는 알고리즘에 의해 풀리는 것을 알았다. 이 알고리즘은 풀어야 할 문제의 형태에는 상관없이 각 염색체의 평가치 (적응도)만을 유일한 정보로 사용하고, 평가치가 높은 염색체는 낮은 것보다 빈번하게 재생되도록 염색체 선택을 편향시킨다. 단순한 코드화와 재생을 이용하는 이 알고리즘은 복잡한 거동을 나타내는 어려운 문제에도 매우 유효함이 밝혀졌다. 그리고

\*부산수산대학교 응용지질학과 (Department of Applied Geology, National Fisheries University of Pusan, Pusan 608-737, Korea)

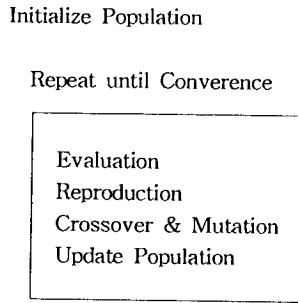


Fig. 1. General scheme for genetic algorithm.

가장 놀라운 것은 번역된 세계의 지식을 전혀 쓰지 않고 문제를 푼 것이다. Holland는 이 알고리즘이 유전학에 기원을 두었다고 하여 유전적기법(GA)이라고 명명하였다.

GA는 비선형 최소자승법에서 일반적으로 요구되는 목적함수의 경사방향 정보를 필요로하지 않으며, 또 초기모델에는 의존하지 않을 뿐더러 초기모델 선택자체가 어려울 경우에도 유효하다는 장점을 가진다. 특히 목적함수의 진동이 큰 고난도 문제에 적용 가능한 유일한 최적화기법으로 알려져 있다. 현재 여타 자연과학이나 공학은 물론이며 지구과학의 분야에서도 많은 연구가 진행되고 있으며 앞으로 큰 성과가 기대되는 방법이라 하겠다.

## GA 개요

GA의 기본적인 흐름은 다음과 같다. 먼저 모델변수를 유전자와 같이 코드화하여 표현한다. 그리고 랜덤하게 작성된 많은 개체 (후보모델)로 된 어미집단 (제 1세대)을 만들고, 그들 개체의 적응도를 (목적함수의 최적화라는 뜻에서) 평가한다. 다음으로 어미집단과 같은 개체수의 새끼집단 (제 2세대)을 만든다. 한 쌍의 어미에서 두 마리의 새끼가 태어난다. 한 쌍의 어미는 랜덤하게 선택되지만 그 때 적응도에 따른 무게 (weight)가 부여된다. 즉 적응도가 높은 어미는 선택될 가능성이 높다. 어미의 유전자열 (염색체)을 중간에서 교차시켜서 두 마리의 새끼에 이어준다. 교차되는 곳은 랜덤하게 결정된다. 이 때 적응도를 높게 만들고 있는 유전자 패턴 (schemata, Table 3 참조)을 깨지 않도록 배려한다. 또 어떤 확률에 의해 돌연변이를 일으켜서 전혀 새로운 유전자를 도입한다. 이렇게 함으로써 과거의 도태에서 버려진 유용한 유전자가 부활되거나 탐색의 범위가 넓어질 수 있다. 새끼집단이 완성되면 다음 세대를 만들기 위하여 개체의 적응도 평가, 어미의 선택, 유전자의 교차, 돌연변이라는 일련의 과정을 반복한다. 그리고 몇 세대 후 모든 개체가 같아져서 수렴되어 목적함수는 최적화된다. 이와 같은 GA의 개관을

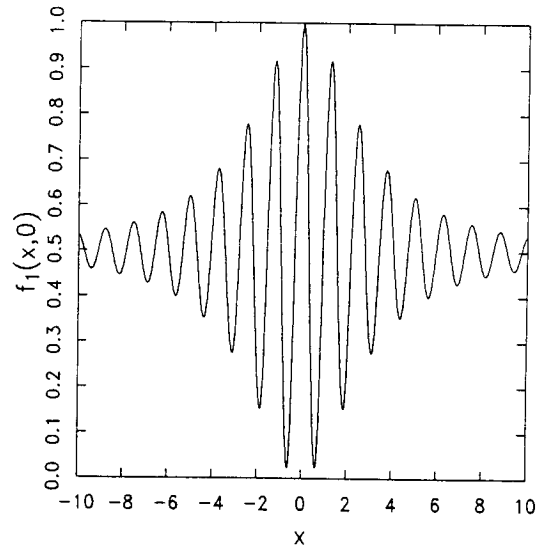


Fig. 2. Function  $f_1(x,0)$ .

Fig. 1에 나타내었다. 적응도의 결정방법, 유전자의 교차방법, 유전자의 길이의 가변성 등에 따라서 여러가지 파생적 기법이 시도되고 있다(Kitano, 1993).

## 단순 GA

앞에서 소개한 기본적인 GA를 단순GA (Simple Genetic Algorithms, SGA)라고 하자. 이 SGA의 기능을 다음과 같은 문제를 풀면서 알아보기로 한다.

문제: 함수  $f_1(x,y)$ 의 최적화 ( $f_1$ 의 최대치를 주는 변수  $x$  및  $y$ 를 탐색함)

### 시험함수

GA의 특성을 시험하는 함수  $f_1(x,y)$ 를

$$f_1(x,y) = 0.5 + \frac{\cos(5\sqrt{x^2+y^2})}{2+(x^2+y^2)/4}$$

와 같이 정한다. 이 함수는  $x=y=0$ 에서 최대치  $f_1=1$ 을 가진다. Fig. 2는  $y=0$ 일 때  $[-10, 10]$  범위의  $x$ 에 대한  $f_1$ 를 그린 것이다. 고개를 올라가는 것만으로는 최대치로 도달할 수 있는 범위가 약  $[-0.6, 0.6]$ 으로 매우 좁다는 것을 알 수 있다.

염색체로부터 적응도를 평가하는 방법은 Fig. 3과 같다. 염색체는 1) 분할, 2) 해석 (decode)되고, 3) 정수를 곱한 후  $[-10, 10]$  범위에 들어가도록 이동되고, 마지막으로 4) 함수  $f_1$ 에 대입되어 적응도가 평가된다.

A 20-bit chromosome: 11011101110001010100

- 1) divide into two parts: 1101110111 and 0001010100
- 2) transform binary to decimal:  $x_1 = 887$  and  $y_1 = 84$
- 3) scaling ( $\alpha_2 = \alpha_1/51.2 - 10.0$ ):  $x_2 = 7.324218$  and  $y_2 = -8.359375$
- 4) substitute  $x_2$  and  $y_2$  into  $f$ :  $f(x_2, y_2) = 0.529719$

Fig. 3. Decoding procedure.

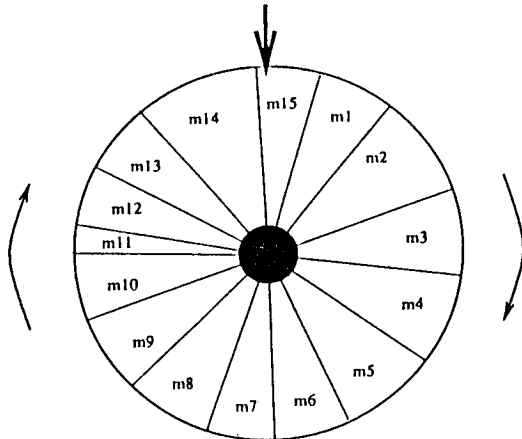


Fig. 4. Simple reproduction allocates offspring strings using a roulette wheel with slot sized according to fitness(after Smith et al., 1992).

**SGA 개요**

SGA의 개요를 요약하면 다음과 같다.

- 1) 집단을 구성하는 각 개체의 표현방법은 2진수 표현(binary representation)이다. 염색체는 2진수  $nc$  비트로 구성된다.
- 2) 집단은 최초에 난수(random number)발생으로 2진수를  $nc \times np$ 개 만들어 초기화한다. 여기서  $np$ 는 집단의 크기(population size)이다. 초기화된 세대를 제 1세대로 한다.
- 3) 재생시는 옛 집단의 모든 개체가 삭제되고 새로운 개체로 바뀌는 세대교체(generation replacement)가 일어난다. 세대교체는  $ng$ 번 이어진다.
- 4) 어미의 선택에는 룰렛방식(roulette wheel parent selection)이 사용된다.
- 5) 적응도가  $f$ 함수의 평가치 그 자체(evaluation is fitness)를 이용한다.
- 6) 재생에는 한점교차(one-point crossover)와 돌연변이를 같이 사용한다.

**SGA의 구성요소**

Table 1. Bit mutation.

Chromosome	Random number	New bit	New chromosome
1 0 1 0	.802 .234 .266 .375	-	1 0 1 0
1 1 0 0	.091 .617 .005 .840	0	1 1 0 0
0 0 1 0	.716 .473 .892 .003	1	0 0 1 1

**1) 룰렛방식 선택**

GA에서 어미 선택의 목적은 집단중에서 적응도가 높은 개체에 보다 많은 재생의 기회를 부여하는 것이다. 이 목적을 위한 하나의 방법이 룰렛방식 선택이다. 룰렛방식은 Fig. 4와 같이 룰렛판의 파이형 한 조각(slice)의 크기를 개체의 적응도에 비례하도록 한 알고리즘이다. 그리고 집단에서 어미의 선택은 룰렛을 회전시켜서 멈추었을 때 가르키는 위치에 할당된다.

**2) 돌연변이**

비트 돌연변이(bit mutation)는 임의의 비트를 확률적으로 선택하고, 선택된 비트를 랜덤한 비트로 치환하는 조작이다. 돌연변이의 확률은 보통 매우 낮은 값으로 설정된다. 한 예로서 이를 0.01로 하면 이는 각 비트가 랜덤하게 치환되는 확률이 1/100임을 뜻한다.

Table 1은 비트 돌연변이 조작을 보여준다. 표에서는 길이가 4인 3개의 염색체, 확률적인 선택의 기준이 되는 난수, 치환을 위한 난수, 그리고 돌연변이를 거친 후의 염색체를 나타낸다. 그림의 경우는 3번째 염색체만이 변화하고 있다. 2번째 염색체의 예는 중요하다. 여기서는 3번째 비트가 일단 선택되었지만 랜덤하게 생성된 비트가 원래 비트와 우연히도 같기 때문에 결과로서의 변화는 생기지 않았다. 만일 비트를 무조건 다른 값으로 치환하게 되면 유효 돌연변이율은 2배가 된다.

**3) 한점 교차**

생물학에서는 진화는 자연도태와 돌연변이에 의해 일어난다고 가르치지만 이 견해는 불완전하다. 재생시에 염색체를 변화시키는 과정은 또 있으며, 그것이 적어도 돌연변이와 같은 수준으로 중요하다고 생각하는 생물학자도 있다. 이것이 교차이다. 생물에 있어서 교차는 양 어미의 염색체가 그들의 대응부분을 교환하는 현상이다. GA에서 교차는 양 어미의 유전자를 재결합시켜서 두 마리의 새끼를 만드는 과정을 뜻한다. Table 2에 한점교차의 예를 보여준다.

교차는 GA의 핵심요소이다. GA에서 교차를 제외하면 그것은 GA가 아니라고 생각하는 사람이 많으며, 이 주장은 돌연변이에 대하여는 나와 있지 않다. 교차는 GA에서 탐색작업의 가속기인 셈이다.

Table 2. One-point crossover.

Parent					Offspring				
1	0	0	0	0	1	1	1	0	0
1	1	1	1	1	1	0	0	1	1

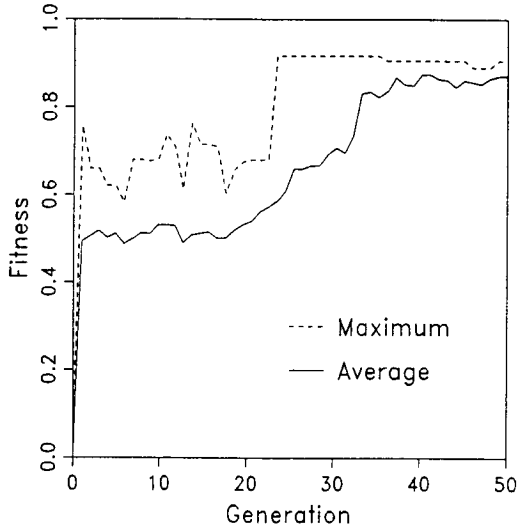


Fig. 5. Maximum and average fitnesses obtained by a simple GA for the test problem.

실 행

여기서는  $nc=20$ ,  $np=40$  그리고  $ng=50$ 으로 SGA를 함수  $f_1$ 에 대하여 실행한 한 예를 Fig. 5에 나타내었다. 교차 및 돌연변이의 확률은 각각 0.6 및 0.002이다. 이 경우 20세대 이후 적응도가 높아지고, 50세대후의 최상개체의 적응도는 0.91이며, 전체 평균은 0.87이었다.

SGA의 개량

적응도의 스케일링

$f_1$ 을 다음과 같이 바꾸어 보자.

$$f_2(x, y) = 999.5 + \frac{\cos(5\sqrt{x^2+y^2})}{2 + (x^2+y^2)/4}$$

이 방정식은 제 1항이 0.5에서 999.5로 달라진 것외에는  $f_1$ 과 동일하다. 함수의 모양이 같기 때문에 최적치를 줄  $x$  및  $y$ 도 전과 마찬가지로 0이며, 그 때 최대치는 1000이다.  $f_2$ 에 대하여 SGA를 돌려보면 어떤 일이 생길까? 결과는  $f_1$ 을 최적

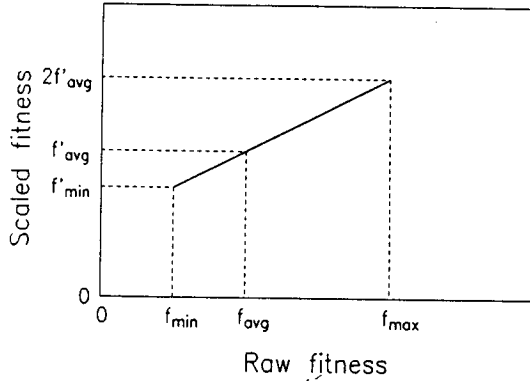


Fig. 6. Linear scaling of fitnesses (after Goldberg, 1989).

화할 때에 비하여 성능이 현저히 떨어지게 된다.

SGA에서는 어느 염색체가 재생에서 선택되는 기대치는 그 염색체의 평가치를 집단 전체 평가치의 평균으로 나눈 것이다. 가령 어느 염색체의 평가치가 집단 평균의 2배라면, 이는 차세대에 두 마리의 새끼를 남기는 것으로 기대된다. 한 예로  $f_1$ 에 관해 SGA에서 집단을 초기화해 본 결과 최대 평가치는 0.912, 최소는 0.073, 평균은 0.511이었다고 하자. 이 때는 최대평가치를 가진 염색체에는 유리하게, 또 최소치를 가진 그것에는 불리하게 적용되는 강한 선택압력이 존재한다. 그러나  $f_2$ 에 대하여는 동일한 난수가 발생되면 최대치는 999.912, 최소치는 999.073, 평균치는 999.511이 될 것이다. 이 경우 최대치를 가진 염색체나 최소치를 가진 그 것이나 새끼를 차세대에 남길 가능성은 거의 같으며, 자연도태의 효과는 거의 기대할 수 없다.

이와 유사한 일은 탐색 후반부에서 자주 일어난다. 즉 세대교체를 거듭하면 적응도가 비슷한 경쟁자의 집단으로 구성될 경우가 많다. 근접한 경쟁자가 있을 때는 경쟁자간에서 차이가 나도록 도태압을 증가시키는 것이 타당하다. 한편 탐색 초반에서는 가끔 월등히 우수한 염색체 (초개체, super individual)가 우연히 만들어질 경우가 있다. 만일 적응도가 평가치와 같을 경우 이 초개체는 아마도 1~2세대 후에는 모든 경쟁상대를 배제시켜버릴 것이며 집단은 급속히 수렴될 것이다.

이러한 문제는 염색체 평가치를 적응도로 변환할 때 고려되어야 한다. 여러가지 방법이 제안되고 있지만, 그 중 가장 간단한 것이 선형 스케일링 (linear scaling) 법이다. 즉

$$f' = af + b$$

이다 (Fig. 6). 여기서  $f$  및  $f'$ 는 각각 스케일링 전후의 적응도이다. 계수  $a$ ,  $b$ 는

Table 3. A schema represents an equivalence class of models. The asterisk is a wild card or "don't care" symbol.

Models	Equivalent schema
1 0 0 0 1	
1 0 0 1 1	1 0 * * 1
1 0 1 0 1	
1 0 1 1 1	

Table 4. Two schemata not combined by one-point crossover.

Parent	Offspring
1 1 0 1 1 0 0 1 1 0 0 1 1	1 1 0 1 0 1 1 0 1 1 1 0 0
0 0 0 1 0 1 1 0 1 1 0 0	0 0 0 1 1 0 0 1 0 0 1 1 1

$$f'_{avg} = f_{avg}$$

$$f'_{max} = cf_{avg}$$

에 의해 정해진다. 여기서 첨자 avg 및 max는 평균치 및 최대치를 나타내고, c는 최상개체가 차세대에 남길 개체수의 기대치이며, 통상  $c=1.2\sim 2.0$ 이다.

### 토너먼트방식 선택

룰렛방식 선택은 장기적으로는 적응도에 비례한 선택이 이루어지지만, 랜덤한 절차를 거치기 때문에 때로는 최악의 개체가 선택될 수도 있고, 또 최상의 개체가 선택되지 않을 수도 있다. 이러한 단점을 개선하는 방법중 하나가 토너먼트(tournament) 방식이다. 이는 집단에서 어떤 개체수를 랜덤하게 뽑아서 그 중에서 가장 우수한 개체를 (토너먼트 방식으로) 선택하고, 그 과정을 집단수가 얻어질 때까지 반복한다는 것이다. 이 방식의 도태율은 토너먼트에 참가하는 개체수  $m$ 에 의존한다. 보통  $m$ 는 2~3이 적당하다.

### 교차

한점교차는 생물학적 과정에서 힌트를 얻은 것이지만 알고리즘으로 본 경우 몇 가지 문제점을 가지고 있다. 가장 큰 문제는 코드화된 염색체의 특징 조합 (Table 3)은 한점교차로는 생성되지 않을 경우가 있다는 것이다. Table 4의 두 염색체를 생각해 보자. 고딕체로 높은 성능을 주는 두 개의 schema (유전자배열)를 나타내었다. 한점교차로는 이들 schema를 하나의 염색체상에서 결합하지 못한다. 왜냐하면 첫번째 염색체는 양단에 같은 값의 비트를 가지고 있으므로, 교차점의 위치와는 상관 없이 이 schema는 반드시 파괴되어 후손으로 전달되지 못하기 때문이다.

이 문제에 대한 가장 쉬운 해결방법은 한점교차를 두점교차

Table 5. Two-point crossover.

Parent	Offspring
1 1 0 1 1 0 0 1 0 0 1 1	1 1 0 1 0 1 1 0 1 0 1 1
0 0 0 1 0 1 1 0 1 1 0 0	0 0 0 1 1 0 0 1 0 1 0 0

Table 6. Uniform crossover.

Chromosome	Template	New chromosome
1 0 0 1 0 1 1	1 1 0 1 0 0 1	1 0 0 1 1 0 1
0 1 0 1 1 0 1		0 1 0 1 0 1 1

(two-point crossover)로 바꾸는 것이다. 이 조작에서는 두 개의 교차점이 랜덤하게 선택되어 염색체상의 코드가 교환된다. Table 5에 두점교차의 예를 보여 준다. 문제인 schemata가 두점교차에 의해 결합되어 한 새끼에 전달된 점에 주목해야 한다.

물론 두점교차로도 결합할 수 없는 schemata도 존재한다. 그래서 개발된 것이 전교차(uniform crossover)이다. 여기서는 새끼의 각 비트위치에 대해 어느쪽 어미의 비트를 선택할 것인지를 랜덤하게 결정한다. Table 6에 전교차의 예를 보여준다. 어느 쪽 어미의 비트를 제 1의 새끼에 주는지에 대한 지침(template)이 주어지고 있다. 나머지 어미의 비트가 제 2의 새끼를 계승된다. 전교차는 좋은 schemata를 결합한다는 것보다 나쁜 schemata를 파괴한다는 면이 더 강하다.

### 조작률

지금까지는 재생시의 조작(operator)인 교차와 돌연변이를 한 묶음으로 취급해 왔다. 그러나 이들 조작을 항상 같이 해야하는 것은 아니며, 또 세대교체 과정에서 조작의 비율을 고정해야하는 것도 아니다. 조작비율을 변경할 때는 실행개시와 종료의 값을 주고, 이것을 선형적으로 바꾸는 것이 편리하다.

GA에서 교차와 돌연변이는 상호보완적인 특성을 가지고 있으며, 일반적으로 돌연변이는 집단에 다양성을 부여하고 교차는 기존의 좋은 schemata를 결합시킨다. 만일 돌연변이가 없으면 집단은 중요한 schemata 몇개가 없는 채 급속히 수렴될 것이다. 어느 비트값이 수렴되기 시작하면 교차로서는 결코 그 위치의 비트값을 바꾸지 못한다. 반대로 교차가 없으면 시스템은 새로운 점을 랜덤하게 탐색할 뿐 탐색점간의 좋은 특징을 결합시키지 못한다. 따라서 돌연변이와 교차를 잘 혼합하면 어느 한쪽만의 경우보다 더 좋은 결과를 얻을 수 있다.

돌연변이와 교차의 최적비율은 GA실행 중 집단의 변화에 따라서 변화한다. 일반적으로 초기화 직후의 집단은 매우

Table 7. Gray code.

Decimal	Binary	Gray	Decimal	Binary	Gray
0	0000	0000	8	1000	1100
1	0001	0001	9	1001	1101
2	0010	0011	10	1010	1111
3	0011	0010	11	1011	1110
4	0100	0110	12	1100	1010
5	0101	0111	13	1101	1011
6	0110	0101	14	1110	1001
7	0111	0100	15	1111	1000

다양하며, 그 집단중에는 문제에 대한 좋은 해의 단편이 여기저기에 흩어져 있을 것이다. 교차는 이들 단편을 조립하는데 가장 좋은 방법이다. 일단 이들 단편이 모이면 집단은 작은 탐색 공간에 수렴하고 교차의 효력은 없어진다. 그래서 현재의 최상해 영역에서 더 좋은 해를 탐색하기 위하여는 돌연변이를 사용할 필요가 생긴다. 따라서 GA진행에 따라서 돌연변이 비율을 높이는 것은 타당하다.

### Gray코드

유전자를 코드화하는 방법에 따라서 탐색효율이 크게 달라질 수 있다. 예를 들면 실수함수의 탐색에서는 일반적으로 그레이코드 (Gray code)쪽이 2진수코드 (Binary code)보다 우수하다. Table 7에 4비트의 그레이코드를 나타내었다. 그레이코드는 십진수에서 1의 변화가 반드시 1비트만의 변화와 대응하지만, 2진수코드는 그렇지 않다. 예를 들면 돌연변이로 어느 1비트가 바뀌었을 때, 그레이코드의 경우 그것은 십진수 1의 변화에 해당되지만 2진수코드의 경우 바뀐 비트의 위치에 따라서 십진수의 변화량이 달라진다.

### 실행

여기서는 앞의 SGA에서 선택을 토너먼트방식으로, 교차를 두점교차로, 코드를 그레이로 바꾸고, 선형스케일링을 추가하여 함수  $f_1$ 에 대해서 실행하였다 (Fig. 7). 스케일링에서  $c=1.5$ 이며, 토너먼트방식에서  $nt=3$ 이다. 이 경우 Fig. 5에 비해 적응도의 빠른 상승을 볼 수 있다.

### 결언

GA의 실제 적용예를 지구물리학 분야에서 찾아보기로 한다. GA는 탄성파탐사의 파형역산에 많이 적용되고 있다 (Stoffa and Sen, 1991; Sen and Stoffa, 1992; Sambridge and Drijkoningen, 1992). 그 이유는 지진파형의 주기성으로 인해 목적함수가 크게 진동하는 고난도문제에 GA 이외의 대안이

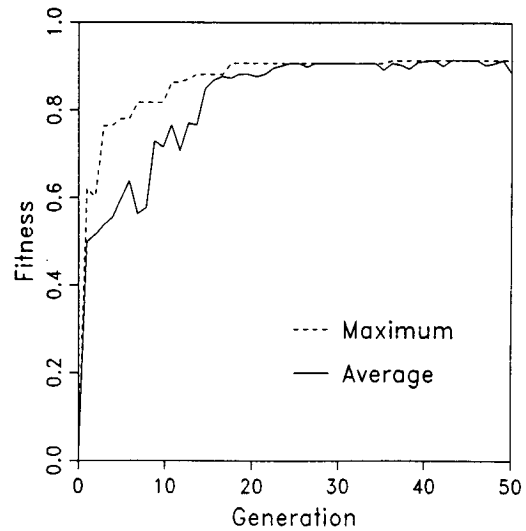


Fig. 7. Maximum and average fitnesses obtained by an improved GA for the test problem.

거의 없기 때문이다. 이 밖에는 Sambridge and Gallagher (1993)가 지진 진앙 결정에, Nolte and Frazer (1994)가 VSP 역산에, 그리고 Wilson *et al.* (1994)가 정보정에 적용한 예가 있다.

GA를 쉽게 해설한 것으로는 그 화제를 지구물리탐사에 찾은 Sen and Stoffa (1992), Smith *et al.* (1992) 및 Stoffa and Sen (1992)이 있으며, 일반적인 내용으로는 Forrest (1993), Gallagher and Sambridge (1994) 등이 있다. 그리고 교과서도 많이 나와 있다 (Goldberg, 1989; Davis, 1991; Michalewicz, 1992; Kitano, 1993). 이 중에서 Goldberg (1989)에는 Pascal 언어로 된 프로그램이 소개되어 있으며 GA를 이해하는데 크게 도움이 될 것이다.

GA는 아직은 수학적으로 정의된 방법론이라고 생각하기는 어렵다. 그러나 GA는 비선형 최적화기법중 현재 급속도로 발전하고 있는 매우 유망한 방법임에는 틀림 없으며, 매년 새로운 전개가 일어나고 있는 분야이다.

### 사사

본 연구는 한국과학재단 및 전략광물자원 연구센터의 지원을 받았다. 이 글을 쓰는데 있어 많은 조언을 해주신 공영세교수님께 감사드리며, 또 열띤 토론과 그림 작성에 협조 해주신 대학원생 박미경, 이동성, 박중용, 박성훈군에게도 감사합니다.

### 참고문헌

- Davis, L., ed. (1991) Handbook of Genetic Algorithms. Van Nostrand Reinhold, 348p.
- Forrest, S. (1993) Genetic algorithms: Principles of natural selection applied to computation. Science, v. 261, p. 872-878.
- Gallagher, K and Sambridge, M (1994) Genetic algorithms: A powerful tool for large-scale nonlinear optimization problems. Comp. & Geosci, v. 20, p. 1229-1236.
- Goldberg, D. (1989) Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning. Addison-Wesley, 412p.
- Kitano, H, ed. (1993) Genetic Algorithms. Sangyou-Tosho, 328p. (in Japanese)
- Michalewicz, Z. (1992) Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs. Springer-Verlag, 250P.
- Nolte, B. and Frazer, L.N. (1994) VSP inversion with genetic algorithms, Geophys. J. Int., v. 117, P. 162-178.
- Sambridge, M. and Drijkoningen, G. (1992) Genetic algorithms in seismic waveform inversion. Geophys. J. Int., v. 109, p. 323-342.
- Sambridge, M. and Gallagher, K. (1993) Hypocentre location using genetic algorithms. Bull. Seis. Soc. Am., v. 83, p. 1467-1491.
- Sen, K. and Stoffa, P.L. (1992) Genetic inversion of AVO. Leading Edge, v. 11, p. 27-29.
- Sen, K. and Stoffa, P.L. (1992). Rapid sampling of model space using genetic algorithms: examples from seismic waveform inversion. Geophys. J. Int, v. 108, p. 281-292.
- Smith, M.L., Scales, J.A. and Fischer, T.L. (1992) Global search and genetic algorithms. Leading Edge, v. 11, p. 22-26.
- Stoffa, P.L. and Sen, K. (1991) Nonlinear multiparameter optimization using genetic algorithms: Inversion of plane-wave seismogram. Geophysics, v. 56, p. 1794-1810.
- Stoffa, P.L. and Sen, K. (1992). Seismic waveform inversion using global optimization. J. Seismic Expl., v. 1, p. 9-27.
- Wilson, W.G., Laidlaw, W.G. and Vasudvan, K. (1994) Residual statics estimation using the genetic algorithm. Geophysics, v. 59, p. 766-774.

---

1995년 6월 10일 원고접수