

针对剩余静校正的慢速扩展遗传算法

胥可¹,钱坤¹,于洪²,闵帆^{1,3*}

(1.西南石油大学 计算机与软件学院,四川 成都 610500;

2.重庆邮电大学计算智能重庆市重点实验室,重庆 400065;

3.西南石油大学 人工智能研究院,四川 成都 610500)

摘要:在地震勘探剩余静校正阶段,遗传算法处理低信噪比数据时容易受到噪声干扰,迅速陷入局部最优。本文提出一种基于概率统计的慢速扩展遗传算法(Slow Expansion Genetic Algorithm for Residual Static Correction, SEGA)。以动校正后的共中心点道集数据作为输入,通过地震道与混波模型道互相关,分别获取炮点与检波点的互相关矩阵,并利用所提出的转换函数获得静校正量概率矩阵;根据该概率矩阵的值,进行种群的初始化、交叉、变异;通过选择最优染色体更新叠加剖面,并利用慢速扩展相空间来重新确定校正量的上下界;重复如上步骤直至收敛。实验结果表明,SEGA在某山区收集的地震数据上能显著提高叠加剖面的成像质量,与最大叠加能量法和基准遗传算法相比,叠加能量分别提升了6.61%、5.55%。

关键词:互相关;最大能量法;模型道;相空间

中图分类号:P631.4

文献标志码:A

文章编号:0253-2395(2025)06-1142-10

Slow Expansion Genetic Algorithm for Residual Static Correction

XU Ke¹, QIAN Kun¹, YU Hong², MIN Fan^{1,3*}

(1. School of Computer Science and Software Engineering, Southwest Petroleum University, Chengdu 610500, China;

2. Chongqing Municipal Key Laboratory of Computing Intelligence, Chongqing University of Posts and Telecommunications, Chongqing 400065, China;

3. Institute for Artificial Intelligence, Southwest Petroleum University, Chengdu 610500, China)

Abstract: In the residual static correction phase of seismic exploration, the genetic algorithm is susceptible to noise interference when processing low signal-to-noise ratio data and quickly falls into a local optimum. This paper proposes a probabilistic statistics-based slow expansion genetic algorithm (SEGA). The common middle point gathers are used as input. The seismic traces and wave-mixing model traces are correlated with each other to obtain the cross-correlation matrices of the shot and receiver points, respectively. The probability matrices of the static correction are obtained by using the proposed transformation function. Based on the value of the probability matrix, the population is initialized, crossed over, and mutated. The stacked section is updated by selecting the optimal chromosome. The slow expansion of the phase space is used to redefine the upper and lower limits of the correction. The above steps are repeated until convergence achieved. The experimental results show the proposed method can significantly improve the imaging quality of stacked section on seismic data collected in a mountainous area. The stacked energy is improved by 6.61% and 5.55% compared with the maximum stacked energy method and genetic algorithm, respectively.

Key words: cross-correlation; maximum stack-power method; reference trace; phase space

收稿日期:2023-12-01;接受日期:2024-03-04

基金项目:国家自然科学基金(62136002;61876027);南充市科技局项目(23XNSYSX0062;23XNSYSX0013)

作者简介:胥可(1999—),女,四川成都人,硕士研究生,研究方向为地震数据剩余静校正。E-mail: 545605772@qq.com

* 通信作者:闵帆(MIN Fan),E-mail: minfan@swpu.edu.cn

引文格式:胥可,钱坤,于洪,等.针对剩余静校正的慢速扩展遗传算法[J].山西大学学报(自然科学版),2025,48(6):1142-1151. DOI:10.13451/j.sxu.ns.2024031.

0 引言

在地震勘探中,为了消除地震波在传播过程中受地表高程、风化层厚度和速度变化的影响而产生的相对时差,需要进行静校正^[1]。静校正就是将炮点和检波点校正到统一的基准面上,然后对地震波进行观测的过程。其结果对叠加剖面的成像质量产生影响,进而影响对地层的解释工作。对层状地层静校正后,理想的地震道集应该呈现平滑的双曲线。然而,在复杂的山区地质环境中,由于地形起伏的差异较大,仍然需要进一步处理以消除尚未校正的时移。

剩余静校正通过对地震波旅行时方程的分析,旨在消除造成时差分量的影响,从而纠正地震波在时间上的位移。传统剩余静校正可以划分为两类:线性反演和非线性优化。在80年代以前,由于数据量较小,通常通过联立旅行时线性方程对剩余静校正问题进行建模,然后利用高斯-赛德尔方法^[2]计算方程中的分量。尽管这种方法可以简单快速地改善叠加剖面效果,但它是基于前面估计出的因子来计算其他未知因子,当前面分量误差较大时,会影响后面分量的估计结果。随着采集技术的进步,覆盖次数的增多,对分辨率提出了更高的要求。Rothman^[3]提出基于蒙特-卡罗优化的非线性方法进行时差估计。之后,模拟退火算法^[4-6]和遗传算法^[7-11]等方法被引入解决该问题。

然而,常规的遗传算法在低信噪比地震资料中容易出现“早熟”现象,即过早陷入局部解而产生停滞,从而严重影响了叠加剖面的质量。慢速扩展相空间技术是一种缓慢扩大相位搜索空间的方法,其通过相位变换的方式对余弦函数形式的波形进行移动,转换为时间域的函数,时间的偏移即是相位的偏移。慢速扩展遗传算法^[12]利用此技术使得算法在两个方面有所提升。一方面逐步提高道集内同向轴的质量,防止在初始大范围搜索时同向轴发生大偏移,导致构建出错误的模型道。因此能减少搜索时道集内同向轴偏移或能量不集中而产生的误差。另一方面优化解集的搜索范围,在搜索范围不断扩大时通过调整共中心点(Common Middle Point, CMP)道集的方式优化模型道,以使解集进化。因此能避免在较大搜

索范围时解集过早陷入停滞状态,即陷入局部最优解。

本文将慢速扩展遗传算法应用于剩余静校正,具体贡献包括:

1)构建了一种基于概率矩阵的初始化层级种群方式:使用概率矩阵将种群进行分层构建,确保优秀个体在种群中的分布更加均匀,以提高原始种群质量。

2)提出一种基于概率矩阵交叉和缩放变异的进化方式:在交叉操作中,利用概率矩阵对个体进行选择,以增大优秀个体被选择的概率,从而提高后代种群的质量。同时,在变异操作中引入了缩放技术,使得变异后的个体更有可能接近最优解。

3)加入慢速扩展相空间技术:该技术通过逐步扩大搜索空间的方式,优化解的搜索路径,避免过早收敛至局部最优解。

1 基本原理

1.1 地震数据的校正

数据的野外采集是通过在炮点产生震动和在检波点拾取信号来实现的。地震波在地下传播时会受到地层波阻抗的影响,导致波在地层界面振幅和相位均产生较大变化。因此,通过观察波形在时间上的变化可以识别地层界面。

图1显示了共中心点道集采集和校正的过程。图1(a)展示了一个理想的CMP道集采集过程。在这个过程中,地震信号由炮点释放后通过地下介质进行传播,在炮点和检波点所在的水平方向上中心点平面内发生反射,最终传达至检波点,图中 v_0 和 v_1 是地震波在不同介质层中传播的速度。共中心点道集包含了同一个反射点的地层信息,通过多次叠加不同共中心道集的方式,可以有效增强地震图像的显示效果。从野外地震采集的数据中并不能直观地看出地下的信息,还需要经过增益恢复、噪声衰减、道编辑、反褶积、静校正、动校正、剩余静校正等处理才能形成可解释的地震资料。图1(b)、(c)、(d)展示了经过静校正、动校正、剩余静校正处理后的共中心点道集。首先,静校正(Static Correction)消除了基准面观测下横向速度剧烈变化和地表起伏对数据的

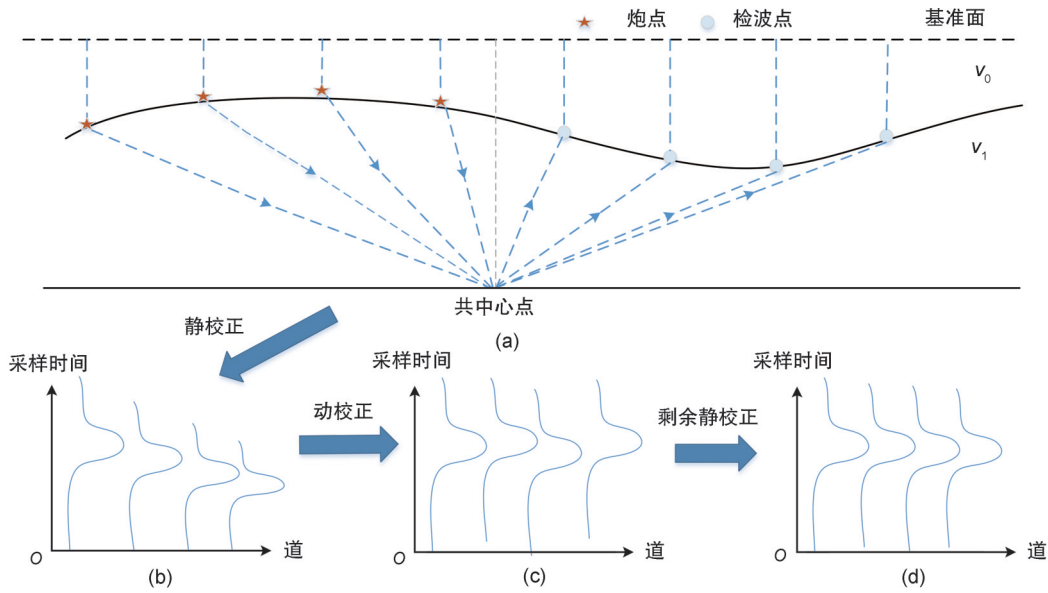


图1 共中心点道集的采集与校正

(a)是共中心点道集的采集过程,炮点和检波点水平中点位置上有相同的反射层信息;(b~d)分别是地震处理中的静校正、动校正、剩余静校正的过程。静校正是校正垂直方向上因为地形影响产生的相对时差,动校正是校正水平方向上的炮检距产生的相对时差,剩余静校正是对静校正的补充,使得共中心点道集内反射信号在时间域上趋于一致。

Fig. 1 The generation and correction of common middle point traces

(a) is the process of collecting a CMP gather. The same reflective layer information is available at the horizontal midpoint position of the shot and the receiver; (b-d) are the process of static, normal moveout, and residual static corrections in seismic processing, respectively. Static correction is the correction of the relative time difference in the vertical direction due to the influence of the terrain. Normal moveout correction is to correct the relative time difference generated by the shot-receiver distance in the horizontal direction. The residual static correction is complementary to the static correction. It enables the reflected signals within the CMP gather to be consistent in the time domain.

影响,从而消除垂直方向上的相对时差。然后,动校正(Normal Moveout Correction, NMO)消除炮检距变化产生的时差影响,使得道集内的反射信号基本对齐。最后,剩余静校正消除共中心点道集间的相对时差,它通过对地震数据进行时间偏移的校正,使得同向轴连续性增强。校正后的叠加剖面可以反映出地震波在地下传播中的时域变化,从而提供更准确的地质结构图像。

1.2 旅行时方程

Schneider^[13]提出计算地震道在动校正之后的剩余时差:

$$T_{ijk} = o_k + s_i + r_j + m_k D_{ij}^2 + N, \quad (1)$$

其中*i, j, k*依次是炮点位置,检波点位置,CMP点位置;*o_k*是构造项时差;*s_i*是炮点的剩余静校正量;*r_j*是检波点的剩余静校正量;*m_k*是剩余动校正时差系数;*D_{ij}*是炮检距;*N*是误差项。

假设基本消除了动校正影响,构造项和噪

音的影响很小,可以将旅行时方程简化为:

$$T_{ijk} = s_i + r_j. \quad (2)$$

它把问题转换成对炮点和检波点剩余静校正量求取,即每道的剩余静校正量是炮点、检波点的剩余静校正量之和。

1.3 互相关和最大叠加能量法

为了求解旅行时方程的分量,互相关和最大能量法经常被用作寻找最佳静校正量的评估函数。互相关方法是通过计算相关道与模型道的互相关值,凭此估计合适的剩余静校正量。当校正到正确的时差时,两道之间的互相关函数达到最大值。

假设所有CMP道集储存为 $X = [x_{ijt}]_{n_g \times n_r \times n_s}$,其中*n_g*为道集数目;*n_r*为CMP道集内的地震道数目;*n_s*为采样点数目,道集中某一道和模型道的互相关值表示为:

$$\delta = \sum_{t=t_1}^{t_2} y_{ijt} x_{ij(t+\tau)}, \quad (3)$$

其中 τ 为估计的时差;*t₁*、*t₂*为开始时窗和结束

时窗; $Y = [y_{ij}]_{n_k \times n_r \times n_s}$ 为所有道对应的模型道, 道 x_{ij} 的模型道表示为:

$$y_{ij} = \sum_{k=1, k \neq j}^{n_r} x_{ik} \quad (4)$$

另一种常用的方法是最大叠加能量法, 弥补了互相关只关注于局部性的特征。它假设在最佳的静校正量下, 叠加道的能量达到最大, 叠加能量和为:

$$E = \sum_{i=1}^{n_k} \sum_{t=t_1}^{t_2} \left[\sum_{j=1}^{n_r} x_{ij(t-\tau)} \right]^2 \quad (5)$$

1.4 基于互相关统计方法

含有同一炮点(检波点)的道集称为共炮(检)点道集。根据式(2), 每道的校正量可以分为炮点和检波点的量, 第 i 炮所对应共炮点道集校正量总和为:

$$p_i^s = \sum_{j=1}^{n_r} s_i + r_j = n_r \times s_i + \sum_{j=1}^{n_r} r_j, \quad (6)$$

其中 n_r 为共炮点道集中检波点的数量; s_i 和 r_j 为道集中的炮点、检波点的校正量, 上标 s 表示共炮点, 并非变量。基于检波点剩余静校正量呈随机分布, 且道数较大, 比较容易满足均值为零的条件^[14], 化简得到:

$$p_i^s = n_r \times s_i \quad (7)$$

在共炮点道集中, p_i^s 同样可以被表示为:

$$p_i^s = \sum_{j=1}^{n_r} \tau_j^*, \quad (8)$$

其中 τ^* 为道集中每道通过互相关求得的最佳校正量。根据式(7)和式(8)得基于互相关方法求取炮点校正量,

$$s_i = \frac{\sum_{j=1}^{n_r} \tau_j^*}{n_r}, \quad (9)$$

即共炮点道集中的平均校正量为炮点的校正量。

假设所有共炮点道集为 $XS = [x_{ijk}]_{n_s \times n_r \times n_a}$, 其中 n_s 为炮点数目, n_r 为检波点数目, n_a 为采样点数目。任意炮点 i 互相关累计向量为 $c = [c_{-\lambda}, c_{-\lambda+1}, \dots, c_{\lambda-1}, c_{\lambda}]$, 通过共炮点道集校正后的道与模型道互相关的累计和为:

$$c_{\tau} = \sum_{j=1}^{n_r} \sum_{t=t_1}^{t_2} y_{ij} x_{sj(t+\tau)}, \quad (10)$$

其中 τ 是校正量, $-\lambda \leq \tau \leq \lambda$, λ 为最大校正量; t_1 、 t_2 是开始和结束时窗; x_{sj} 为共炮点道集中的道, y_{ij} 为模型道。

令 $\hat{\tau}$ 为 c 中最大互相关累计和的最佳校正量, $c_{\hat{\tau}} = \max c$, 说明当道的校正量为 $\hat{\tau}$ 时, 校正后互相关效果最好。选取校正效果最好的那些道的平均值作为炮点校正量, 有:

$$\hat{\tau} = s_i \quad (11)$$

以上推论对于共检波点道集同样适用。

1.5 遗传算法

遗传算法^[15]是一种随机全局搜索优化算法, 其基本思想是模拟生物进化的过程, 通过对种群进行繁殖和优胜劣汰, 获得更好的可行解。遗传算法主要通过编码、交叉和变异、以及种群染色体的选择来实现优化目标的求解^[16-18]。

1) 编码是将参数的解赋值给种群中的染色体, 其编码方式可以分为二进制编码和十进制编码。二进制编码将参数转换为二进制数, 而十进制编码则将参数直接编码为十进制数。编码的目的是将参数转换为适合遗传算法处理的形式, 以便后续的交叉和变异操作。

2) 交叉和变异是在一定随机概率下产生新染色体的过程。交叉操作是指父代和母代染色体各自选取一部分进行交叉融合, 生成新的子代染色体。变异操作是指染色体的某个基因发生突变, 导致原染色体上的基因的值发生变化。这两种操作的目的是增加种群的多样性, 更好地探索解空间。

3) 种群染色体的选择过程是为下一次迭代做准备, 通过优势种群的进化可以让种群朝一个更优的方向发展。选择操作通常是根据染色体的适应度(即目标函数值)进行选择, 适应度越高的染色体被选中的概率越大。通过不断地选择优秀的染色体, 可以使种群逐步趋于最优解。

遗传算法具有全局搜索的能力, 可以在复杂的优化问题中找到较好的解决方案。为了保证算法的有效性和可靠性, 需要根据具体问题合理设置参数, 并对算法的执行过程进行充分的分析和评估。

2 慢速扩展遗传算法

本文将慢速扩展遗传算法应用于地震数据(特别是复杂山地低信噪比数据)的剩余静校正。其主要思想是通过缓慢扩大搜索范围来优

化解的搜索路径,防止解陷入局部最优。为了减小传统遗传算法的随机性,根据基因概率进行交叉和变异操作,以有效提高种群进化的效率。图2展示了本文的基于概率统计的慢速扩展遗传算法(Slow Expansion Genetic Algorithm for Residual Static Correction, SEGA)流程,以动校正后的共中心点道集数据作为输入,迭代更新种群中的炮点和检波点校正量直至达到收敛目标,将种群中最佳的染色体作为问题输出的解,再使用最优解对原始地震数据进行校正,主要可以分为三个步骤。

步骤一:读入含有剩余静校正量的共中心点道集数据,然后,在解空间范围内,将临时校正后的道与混波模型道进行互相关操作,统计炮点和检波点在不同解上累计的互相关值,分别构建炮点和检波点的互相关矩阵,再将其映射为概率矩阵。图3展示了互相关矩阵的更新过程。首先,在给定的校正范围内,选择一个校正量对地震道进行校正。然后,将校正后的道与模型道进行互相关运算。最后,在炮(检)点的互相关矩阵中,根据该道的炮(检)点号和所选校正量定位互相关值,通过将新互相关值与原始值相加更新矩阵中的对应值。

假设所有共炮点道集为 $XS = [xs_{ijk}]_{n_s \times n_r \times n_a}$, n_s 为炮点数; n_r 为检波点数; n_a 为采样点数目; 在互相关矩阵中,炮点 i 激发的地震道校正量为 τ 时对应的值为:

$$C(\text{shot}_i, \tau) = \sum_{j=1}^{n_r} \sum_{t=t_1}^{t_2} y_{ijt} \cdot xs_{ij(t+\tau)} \quad (12)$$

假设所有共检点道集为 $XR = [xr_{ijk}]_{n_r \times n_s \times n_a}$, 当检波点 i 接收的地震道校正量为 τ 时,它的互相关矩阵中的值为:

$$C(\text{receive}_i, \tau) = \sum_{j=1}^{n_s} \sum_{t=t_1}^{t_2} y_{ijt} \cdot xr_{ij(t+\tau)} \quad (13)$$

其中 $y_{ij} = [y_{ijt}]_{n_s}$ 是道 xr_{ij} 的混波模型道,

$$y_{ij} = k_1 \left(\sum_{k=1, k \neq j}^{n_r} x_{ik} \right) + k_2 \left(\sum_{k=1}^{n_t} x_{\text{next1}, k} + \sum_{k=1}^{n_t} x_{\text{next2}, k} \right) \quad (14)$$

其中 k_1, k_2 是比例系数; x_i 是道 xr_{ij} 所在的共中心点道集, $xr_{ij} = x_{ij}$; x_{next1} 和 x_{next2} 是离道 x_i 最近的两个道集。实验中, $k_1 = 0.7, k_2 = 0.3$ 。混波模型道能增强叠加道之间的连续性,从而避免因模型道质量较差而估计的错误时移。当炮点 i 校正量为 τ 时,互相关矩阵中的值映射为概

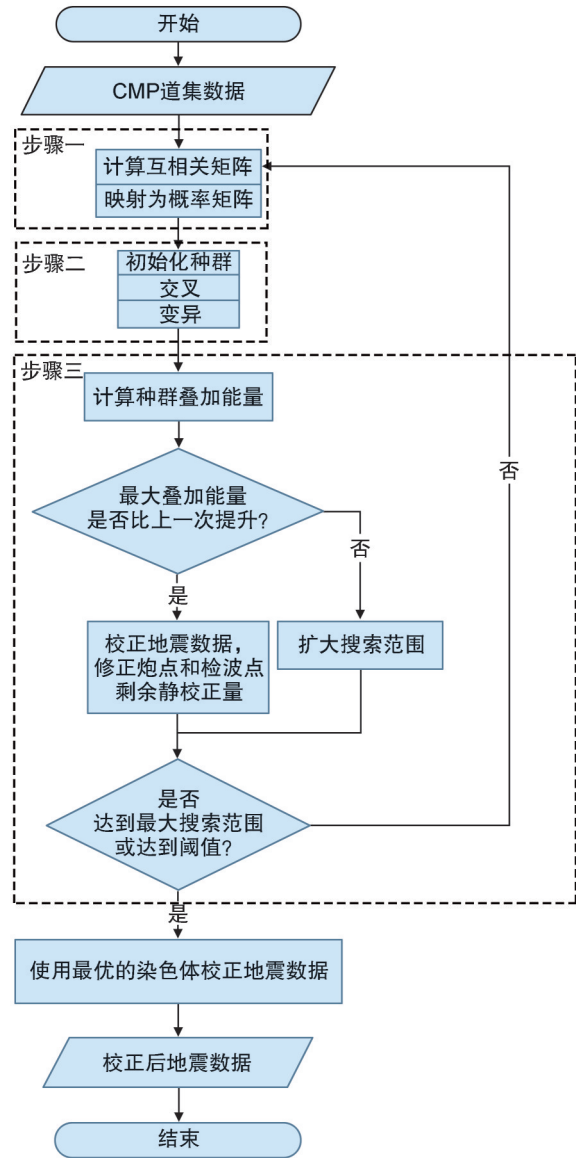


图2 SEGA 流程

输入CMP道集后,在步骤一中准备概率矩阵,第二步是对炮(检)点种群初始化和进化,最后在步骤三中根据叠加能量判断下一步是扩大搜索空间继续循环还是收敛。输出的结果是用种群中的最佳解校正地震数据后的数据。

Fig. 2 The process of SEGA

It prepares the probability matrix in the first step after the inputting CMP gathers. The second step is to initialize and evolve the population of the shot (receiver) stations. Finally, in the third step, the stacked energy is used to determine whether to expand the search space to continue the iteration or to converge. The output is the data after correcting the seismic data with the best solution in the population.

率的公式为:

$$P(\text{shot}_i, \tau) = \frac{e^{(C(\text{shot}_i, \tau) - \max C(\text{shot}_i, \tau))/h}}{\sum_{\tau=-\lambda}^{\lambda} e^{[C(\text{shot}_i, \tau) - \max C(\text{shot}_i, \tau)]/h}} \quad (15)$$

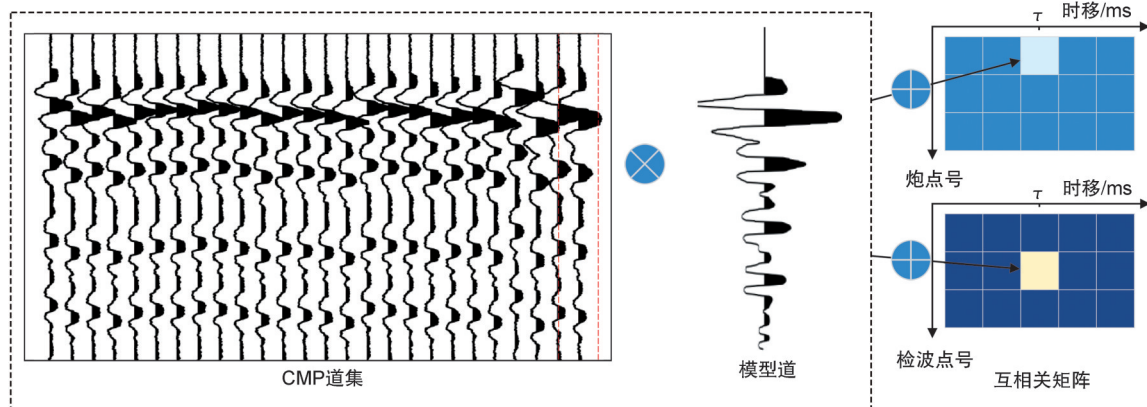


图3 互相关矩阵

在CMP道集中选择一道以时移 τ 做校正,根据选中道对应的炮点和检波点定位互相关矩阵中值的位置,再将校正道与模型道互相关后的值加入原位置更新矩阵。

Fig. 3 Correlation matrix

It selects a trace in the CMP gather and corrects it with a time shift τ . It locates the position of the values in cross correlation matrix according to the corresponding shot and receiver stations of the selected trace. The cross correlation values of the corrected and model traces are then added to the original position to update matrices.

其中 τ 是校正量, $\tau = [-\lambda, -\lambda + 1, \dots, \lambda - 1, \lambda]$, $n\tau$ 是 τ 的长度; h 是一个大于0的常数。实验中, $h = 1$ 。

步骤二:根据概率矩阵的大小对种群进行分层初始化,分别构造出炮点、检波点的原始种群。图4(a)展示了某炮(检)点在种群中被初始化的过程。染色体中的基因值代表了炮(检)点修正的剩余静校正量。在概率矩阵中,通过炮(检)点号和校正量来定位基因的概率,在初始化时,将概率最大的基因放置在种群的第一层,随着层数的增加,每层的概率和逐渐减小,每层颜色也逐渐变浅。在预设适量种群大小的条件下,概率分层初始化不仅能避免种群过大导致计算量增加,也可以避免种群过小而导致进化效果不佳的问题,初始化种群后,需根据种群的大小更新概率矩阵。与传统遗传算法不同的是,这种方法是基于概率分层构建种群,而非随机抽取,从而减少了随机劣解的影响,保持了种群的优势特征。

图4(b)展示了种群进化中的交叉过程。根据种群中基因映射的概率值,随机生成子代继承基因的位置,再将选取的基因重组成新的染色体,迭代该过程直到所有子代都生成。交叉过程结束后,这些子代的染色体将被堆叠到原种群后。图4(d)展示了传统遗传算法交叉的方式,其选取相邻的两条染色体作为父本和

母本,再从它们的基因中选择一段进行简单地组合,生成新的子代。本文的方法以一种更加灵活且更加宏观的方式选择原始种群中的基因,而不是简单的缝合染色体碎片,为种群提供了高质量的子代。

图4(c)展示了变异过程,种群的基因以 $\alpha = 0.9$ 的倍数进行缩放,然后将变异后的染色体堆叠到种群后。相比于图4(e)传统遗传算法在基因上加减随机数的方式,虽然传统方法能构造出丰富的解集,但是忽略了染色体上基因的相关性。本文的方法通过基因在小范围中扰动,保持了染色体中基因的一致性变化,优化了变异质量。

步骤三:以叠加能量作为目标值来计算种群的适应度,并使用最优解来校正地震数据更新叠加剖面,当达到最大阈值或扩张到最大搜索空间时,停止搜索,得到最优的炮点和检波点的剩余静校正量,对原始图像进行校正;否则,以扩展步长为1的方式对解的搜索空间进行扩张,再继续迭代。慢速扩展相空间的方式优化了解的搜索路径,减少了解的随机波动,并避免了迭代过程中陷入局部解而停滞的问题。

3 实验

3.1 数据获取及其预处理

本文的实验部分选取了某山区反射波数

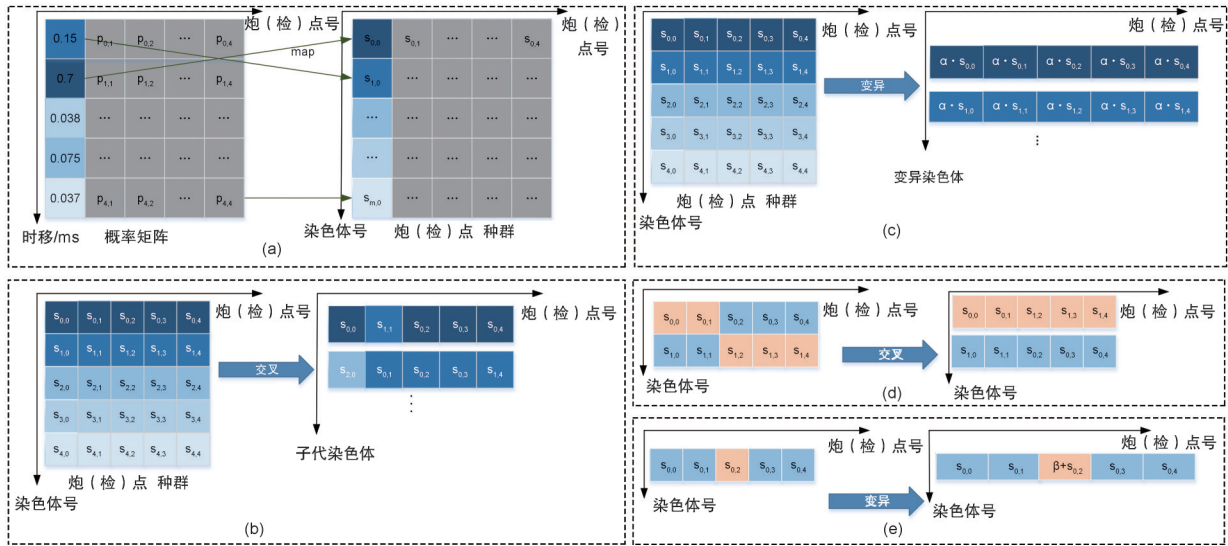


图4 进化过程

(a)展示了SEGA的炮(检)点种群在初始化时与概率矩阵的映射关系,其中,概率矩阵的横坐标是炮(检)点,纵坐标是时移(ms),同一炮(检)点不同时移的概率总和为1,图中颜色越深代表概率值越大,染色体的时移量是根据概率矩阵中的值分层排列的;(b)展示了SEGA的染色体交叉的原理,左边的是原始种群,右边的是交叉后的子代种群,根据概率大小,利用随机函数选择继承基因的位置,组成新的子代染色体;(c)展示了SEGA的染色体变异原理,左边的是原始种群,右边的是变异后的子代种群,变异后的种群是原始种群乘以一个缩放值;(d)是普通遗传算法的交叉原理,在交叉发生的概率下,选择一个交叉分界点,子代染色体继承亲代的前后两段的基因;(e)是普通遗传算法的变异原理,在变异发生的概率下,通过给基因加上扰动值更新原始种群。

Fig. 4 The evolutionary process

(a) shows the mapping of SEGA's population of shot (receiver) stations to the probability matrix at initialization, where the horizontal coordinate of the probability matrix is the shot (receiver) station and the vertical coordinate is the time shift (ms). The probability of different shifts of the same shot (receiver) station sums up to 1. Darker colors in the graph represent higher probability values. The time-shift in the chromosomes are arranged hierarchically according to the values in the probability matrix; (b) demonstrates the principle of chromosome crossover in SEGA. The original population is on the left and the crossover descendant population is on the right. A random function is used to select the location of the inherited gene, based on the probability, to form a new zygote chromosome; (c) demonstrates the chromosome mutation principle of SEGA. The original population is on the left and the mutated descendant population is on the right. The mutated population is the original population multiplied by a scaling value; (d) is the crossover principle for ordinary genetic algorithms. With the probability of crossover occurring, a crossover demarcation point is chosen where the zygote chromosomes inherit genes from the front and back segments of the parent. With the probability of crossover occurring, a crossover demarcation point is chosen, and the descendant chromosomes inherit genes from the front and back segments of the parent; (e) is the mutation principle of ordinary genetic algorithms. The original population is updated by adding perturbation values to the genes under the probability of mutation occurring.

据,其存储为标准磁带数据格式SEG-Y格式。该数据共包含41344道,采样点数为2501个,采样时间间隔为2ms。炮点的数量为190个,检波点的数量为773个。在数据处理过程中,进行了静校正和动校正处理,除了剩余静校正量外,还存在噪音和干扰波的影响。为了获得较好的剩余静校正结果,将空道剔除,选择了具有较好反射波同向轴的4块时窗,这样的划分方式能够更好地对数据进

行分析和处理,以图获得准确的剩余静校正结果。

具体的划分为:第一块区域的数据集范围为1~10000道,采样时窗为1000~4000ms,CMP个数为219,CMP道集最大叠加次数为66,炮点数为84,检波点数为168;第二块区域的数据集范围为10000~20000道,采样时窗为1500~3000ms,CMP个数为218,CMP道集最大叠加次数为63,炮点数为92,检波点数为

221;第三块区域的数据集范围为20 000~30 000道,采样时窗为500~1 500 ms,该区域的CMP个数为323,CMP道集最大叠加次数为63,炮点数为75,检波点数为274;第四块区域的数据集范围为30 000~41 344道,采样时窗为2 000~4 000 ms,CMP个数为402,CMP道集最大叠加次数为80,炮点数为71,检波点数为317。

3.2 对比实验

在实验中,分别采用了互相关平均法、最大叠加能量法^[19-20]和无慢速扩展的基准遗传算法(Base genetic algorithms, BGA)进行对比。其中,互相关平均法的校正量是根据公式(9)计算。为了评估所提方法的有效性,使用叠加能量作为评价指标,并对剩余静校正前后的叠加剖面进行评价,客观总结了本文方法在原始地

震数据上的校正效果。

3.3 实验结果及分析

表1对比了第一、二、三、四块区域校正后叠加能量的结果。通过对比实验可以看出,校正后的叠加能量从小到大分别是互相关平均法、最大叠加能量法、BGA和慢速扩展遗传算法。在第一块区域上,它们分别将原始剖面的叠加能量提升了20.85%、23.28%、23.64%、23.69%。在第二块区域上,它们分别将原始剖面的叠加能量提升了24.09%、29.01%、29.22%、29.67%。在第三块区域上,它们分别将原始剖面的叠加能量提升了31.85%、41.37%、41.38%和42.28%。慢速扩展遗传算法和其他方法的恢复能力差异不大,它们都能较好地恢复叠加剖面的成像质量。

表1 各个区域的叠加能量

Table 1 Stacked energy in each area

	初始	互相关平均法	最大叠加能量法	BGA	慢速扩展遗传算法
第一块	1 515 856	1 831 946	1 868 671	1 874 220	1 874 930
第二块	965 187	1 197 669	1 245 181	1 247 203	1 251 602
第三块	915 440	1 206 966	1 294 192	1 294 221	1 302 490
第四块	1 043 299	1 230 549	1 338 485	1 349 508	1 407 407

图5显示了校正前后的叠加剖面,原始叠加剖面的反射波信号不明显,经过剩余静校正后的反射同相轴更加清晰,能提供更加丰富的信息和明显的层状结构。图5(a)~(c)是区域一、二、三校正前的叠加剖面,图5(d)~(f)是区域一、二、三校正后的叠加剖面。图5(e)显示了校正后的叠加剖面,呈现出更加清晰的反射信号,然而同时也增强了与主层面结构相交的绕射波。

图6显示了第四块区域的实验结果。第四块区域的原数据集相对于其他区域受干扰波的影响较小,主要是由于时移引起的剩余静校正问题。然而,较大的剩余静校正量几乎将有效信号掩盖在噪音之中。实验表明,互相关平均法、最大叠加能量法、BGA和慢速扩展遗传算法分别将原始剖面的叠加能量提升了17.95%、28.29%、29.35%和34.90%,慢速扩展遗传算法比它们多提高了16.95%、6.61%、5.55%的叠加能量。图6显示了三种算法剩余静校正前后的叠加剖面,尽管对比算法能够恢复一些有效信息,但慢速扩展遗传算法的恢复效果优于它们,

能够展示出更清晰的层位走向。

4 总结与展望

本文针对地震数据在高噪音干扰下剩余静校正困难的问题,提出了一种慢速扩展遗传算法。该算法以逐步扩展范围的方式对剩余静校正问题进行求解。关联互相关概率矩阵对种群进行交叉和变异,并以叠加能量公式作为目标函数,对某山区反射地震数据集进行剩余静校正。实验结果分析表明,慢速扩展遗传算法对剩余静校正后的数据能够呈现出更加清晰的地层结构,有效提高叠加剖面的分辨率。特别是在绕射波等干扰波较少的图像上,慢速扩展遗传算法的校正效果优于其他算法。

由于慢速扩展遗传算法逐步扩大搜索范围的特性,在搜索时间上相对较长,若为了提高算法的速度,增大扩张的搜索范围,这可能会降低准确性。在未来的进程中,针对算法效率将展开进一步研究,以满足处理大量地震数据的需要。

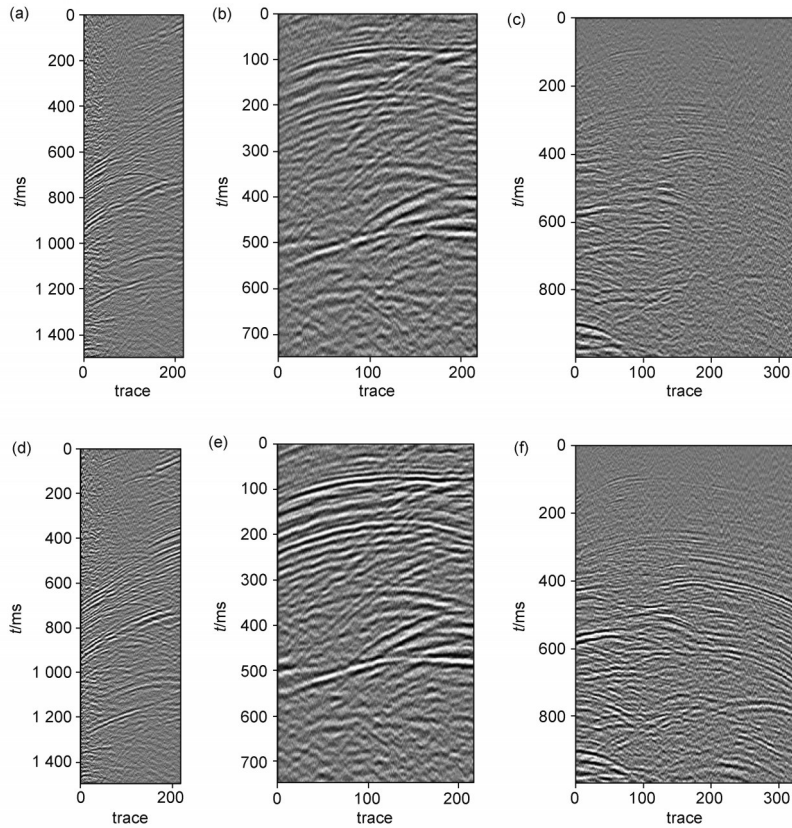


图5 校正前后的叠加剖面

(a)–(c)分别是第一、二、三块区域的原始叠加剖面;(d)–(f)分别是第一、二、三块区域经慢速扩展遗传算法校正后的叠加剖面。

Fig. 5 Stacked sections before and after correction

(a)-(c) are the original-stacked sections of the first, second, and third areas, respectively; (d)-(f) are the stacked sections of the first, second, and third areas, respectively, after being corrected by SEGA.

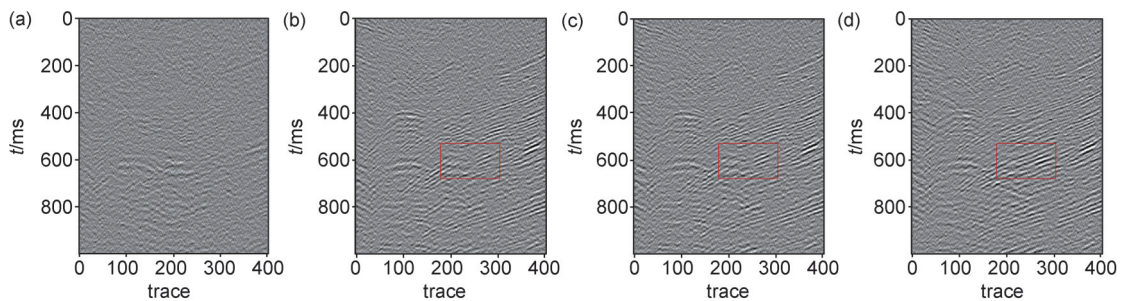


图6 第四块区域的叠加剖面

(a)是原始叠加剖面;(b)是经最大叠加能量法校正后的叠加剖面;(c)是经过BGA校正后的叠加剖面;(d)是经慢速扩展遗传算法校正后的叠加剖面

Fig. 6 Stacked sections of the fourth area

(a) is the original-stacked section; (b) is the stacked section corrected by max stacked energy method; (c) is the stacked section corrected by BGA; (d) is the stacked section corrected by SEGA

参考文献:

[1] 崔庆辉, 尚新民, 腾厚华, 等. 西部山前带黄土砾石区静校正方法[J]. 石油地球物理勘探, 2021, 56(2): 226–233. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2021.02.002.
 CUI Q H, SHANG X M, TENG H H, et al. Research on the Static Correction Method for the Loess and Gravel Area in

Western Foothill Belt[J]. *Oil Geophys Prospect*, 2021, 56(2): 226–233. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2021.02.002.
 [2] WIGGINS R A, LARNER K L, WISECUP R D. Residual Statics Analysis as a General Linear Inverse Problem[J]. *GEOPHYSICS*, 1976, 41(5): 922–938. DOI: 10.1190/1.1440672.

- [3] ROTHMAN D H. Automatic Estimation of Large Residual Statics Corrections[J]. *GEOPHYSICS*, 1986, **51**(2): 332–346. DOI: 10.1190/1.1442092.
- [4] 陈枫, 王彦春, 王海泉, 等. 利用蒙特卡罗方法的剩余静校正及其应用[J]. *物探与化探*, 2012, **36**(4): 628–632. DOI: 10.11720/wtyht.2012.4.23.
CHEN F, WANG Y C, WANG H Q, *et al.* The Application of Monte Carlo Method to Residual Static Correction[J]. *Geophys Geochem Explor*, 2012, **36**(4): 628–632. DOI: 10.11720/wtyht.2012.4.23.
- [5] 邸江伟, 王彦峰, 张占恩, 等. 全局寻优剩余静校正巨厚黄土区中的应用[C]//中国石油学会2022年物探技术研讨会论文集. 海口: 中国石油学会, 2022: 685–688. DOI: 10.26914/c.cnkihy.2022.040114.
DI J W, WANG Y F, ZHANG Z E, *et al.* Application of Global Optimization-seeking Residual Static Corrections to The Giant Thick Loess Zone[C]//Proceedings of the 2022 Annual Meeting of the Petroleum Geophysical Society of China. Haikou: Chinese Petroleum Society, 2022: 685–688. DOI: 10.26914/c.cnkihy.2022.040114.
- [6] 尹成, 周熙襄, 钟本善, 等. 热槽法模拟退火分析及其改进[J]. *石油物探*, 1998, **37**(1): 63–70.
YIN C, ZHOU X X, ZHONG B S, *et al.* Simulated Annealing Analysis of Heat Bath Method and Its Improvement [J]. *Geophys Prospect Petrole*, 1998, **37**(1): 63–70.
- [7] 何超群, 王彦春, 张品. 利用遗传-粒子群优化混合算法求取剩余静校正量[J]. *新疆石油地质*, 2011, **32**(6): 656–659.
HE C Q, WANG Y C, ZHANG P. Application of PSO-GA Hybrid Algorithm to Residual Statics Correction[J]. *Xinjiang Petrol Geol*, 2011, **32**(6): 656–659.
- [8] 潘树林, 吴波, 高磊. 自然血亲排斥策略对遗传算法的改进及其在剩余静校正中的应用[J]. *石油地球物理勘探*, 2010, **45**(6): 802–806. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2010.06.007.
PAN S L, WU B, GAO L. The Improvements of Natural Cognition Exclusion Strategy for Genetic Algorithm and Its Application in Residual Static Correction[J]. *Oil Geophys Prospect*, 2010, **45**(6): 802–806. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2010.06.007.
- [9] 何超群, 王卿, 张品, 等. 退火遗传算法在剩余静校正中的应用[J]. *物探与化探*, 2011, **35**(6): 789–792.
HE C Q, WANG Q, ZHANG P, *et al.* The Application of Annealing Genetic Algorithms to Residual Statics Correction [J]. *Geophys Geochem Explor*, 2011, **35**(6): 789–792.
- [10] 周强, 曹琳昱, 陈爱萍. 基于泊松碟采样的小生境遗传算法剩余静校正[J]. *石油地球物理勘探*, 2018, **53**(5): 896–902. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2018.05.002.
ZHOU Q, CAO L Y, CHEN A P. Residual Static Corrections with the Niche Genetic Algorithm Based on Poisson Disk Sampling[J]. *Oil Geophys Prospect*, 2018, **53**(5): 896–902. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2018.05.002.
- [11] WU M, PAN S L, MIN F. A Genetic Algorithm for Residual Static Correction[C]//2021 IEEE International Conference on Big Knowledge (ICBK). New York: IEEE, 2021: 1–7. DOI: 10.1109/ICKG52313.2021.00069.
- [12] 吴波, 尹成, 潘树林, 等. 最大能量法剩余静校正的改进[J]. *石油地球物理勘探*, 2010, **45**(3): 350–354. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2010.03.007.
WU B, YIN C, PAN S L, *et al.* The Improvements on Maximum Energy Method Residual Static Correction[J]. *Oil Geophys Prospect*, 2010, **45**(3): 350–354. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2010.03.007.
- [13] SCHNEIDER W A. Developments in Seismic Data Processing and Analysis (1968-1970)[J]. *GEOPHYSICS*, 1971, **36**(6): 1043–1073. DOI: 10.1190/1.1440232.
- [14] 潘树林, 高磊, 吴波, 等. 共炮(检)点剩余静校正方法[J]. *石油地球物理勘探*, 2011, **46**(1): 83–88. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2011.01.022.
PAN S L, GAO L, WU B, *et al.* Common Shot(Receiver) Gather Residual Static Correction[J]. *Oil Geophys Prospect*, 2011, **46**(1): 83–88. DOI: 10.13810/j.cnki.issn.1000-7210.2011.01.022.
- [15] ZHOU J, HUA Z S. A Correlation Guided Genetic Algorithm and Its Application to Feature Selection[J]. *Appl Soft Comput*, 2022, **123**: 108964. DOI: 10.1016/j.asoc.2022.108964.
- [16] MUKHERJEE P, GARG H, PRADHAN C, *et al.* Best Fit DNA-based Cryptographic Keys: The Genetic Algorithm Approach[J]. *Sensors*, 2022, **22**(19): 7332. DOI: 10.3390/s22197332.
- [17] ACAMPORA G, CHIATTO A, VITIELLO A. Genetic Algorithms as Classical Optimizer for the Quantum Approximate Optimization Algorithm[J]. *Appl Soft Comput*, 2023, **142**: 110296. DOI: 10.1016/j.asoc.2023.110296.
- [18] KUMI L, JEONG J W. Optimization Model for Selecting Optimal Prefabricated Column Design Considering Environmental Impacts and Costs Using Genetic Algorithm [J]. *J Clean Prod*, 2023, **417**: 137995. DOI: 10.1016/j.jclepro.2023.137995.
- [19] RONEN J, CLAERBOUT J F. Surface-consistent Residual Statics Estimation by Stack-power Maximization[J]. *GEOPHYSICS*, 1985, **50**(12): 2759–2767. DOI: 10.1190/1.1441896.
- [20] 刘喜祥, 胡育波. 多道统计剩余静校正[J]. *内蒙古石油化工*, 2012, **38**(4): 41–42.
LIU X X, HU Y B. Multi-channel Statistical Residual Static Correction[J]. *Inn Mong Petrochem Ind*, 2012, **38**(4): 41–42.