

II-64

遺伝的アルゴリズムによるタンクモデル定数の同定

京都大学防災研究所 正員 田中丸治哉

1. まえがき 流出モデル定数の同定には、パウエル法や準ニュートン法などの非線形最適化手法がよく用いられているが、ほとんどの最適化手法には局所的な準最適解に陥りやすいという難点がある。このため、初期値の設定が適切でなければ大域的な最適解がうまく求められないことがある。最近、このような多峰性の問題に強い最適化手法として遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, GA) が注目されている。GAは、選択淘汰、交叉、突然変異といった生物進化の原理に基づくアルゴリズムであり、多点探索を行うという点で他の最適化手法とは大きく異なる。GAは、これまで主に組合せ最適化問題に適用され、その有効性が明らかにされている。最近はGAの工学的な応用が各方面で進められつつあり、水文学の分野でもGAによって流出モデル定数の同定が試みられている¹⁾。本研究では、タンクモデル定数の同定にこのGAを適用し、その適応性について検討した。

2. 遺伝的アルゴリズムの概要 関数 $F(x_1, x_2, \dots, x_n)$, $u_i \leq x_i \leq v_i$, $i = 1, 2, \dots, n$ を最小化するパラメータ x_i の組合せを探索することを考える。GAでは、まずパラメータを記号列にコーディングする(0と1のビット列がよく用いられる)。ここでは、各パラメータの探索範囲を 2^L 個の点に離散化して各点に0から $2^L - 1$ までの番号を割り振り、その番号を2進数に変換したものをを用いる。この場合、1つのパラメータセットは、 n 個のパラメータの2進コードを連結した次のような $n \times L$ ビットのビット列で表現される。

1111001	0010011	1110010		0000010	1001010	1111101
x_1	x_2	x_3		x_{n-2}	x_{n-1}	x_n

このようなビット列(遺伝子型)に基づいて、次のように探索を行う。

- ① m 個のパラメータセット(個体)をランダムに発生させる。
- ② 各個体ごとに関数値 F_j を求め、それに基づいて適応度 f_j を評価する。
- ③ 選択淘汰: $f_j / \sum f_j$ を各個体の選択確率として、 m 個の個体の中から2個の個体 A , B をランダムに選択する。
- ④ 交叉: ビット列上の交叉位置 k_1 , k_2 (ただし $k_1 \leq k_2$) をランダムに選択し、個体 A (B) の $1 \sim k_1$ 番目、個体 B (A) の $k_1 + 1 \sim k_2$ 番目、個体 A (B) の $k_2 + 1 \sim n \times L$ 番目のビット値を連結して新しい個体 A' (B') を作る。
- ⑤ 突然変異: 新しい個体の任意のビット値を小さな確率 p_m で反転させる。たとえば突然変異が生じる位置のビット値が1ならばこれを0に反転させる。
- ⑥ ステップ③～⑤を繰り返し、 m 個の新しい個体を作って元の個体と置き換える。
- ⑦ ステップ②に戻り、これを関数値が十分小さくなるまで繰り返す。

適応度 f_j の評価法には、いろいろなものがあるが、ここでは、関数値 F_j を小さいものから順に並べかえた後、 f_j を次式で与えている。

$$f_j = 2(m+1-j)/m(m+1), \quad j = 1, 2, \dots, m$$

交叉にも1点交叉、複数交叉などいろいろな方法があるが、ここでは、前述のような2点交叉を採用した。また以下の検討では、エリート保存戦略を導入した。これは、集団の中で最も適応度の高い個体をそのまま次世代に残す方法である。これにより、その時点で最も良い解を交叉や突然変異で破壊せずに保存することができる。ここでは、適応度1, 2位の個体を無条件で保存することにした。

3. 適用方法 本研究では、菅原の直列4段タンクモデル(図-1)の同定を試みる。初期水深を含めて16個ある未知定数は、 $L=7$ として次のように離散化した。

$$\begin{array}{llll}
 a_1 = x_1 \times 0.005 & a_5 = x_5 \times 0.0001 & Z_1 = x_9 \times 1.0 & S_1^0 = x_{13} \times 1.0 \\
 a_2 = x_2 \times 0.005 & b_1 = x_6 \times 0.005 & Z_2 = x_{10} \times 0.5 & S_2^0 = x_{14} \times 1.0 \\
 a_3 = x_3 \times 0.005 & b_2 = x_7 \times 0.005 & Z_3 = x_{11} \times 0.5 & S_3^0 = x_{15} \times 1.0 \\
 a_4 = x_4 \times 0.001 & b_3 = x_8 \times 0.001 & Z_4 = x_{12} \times 0.5 & S_4^0 = x_{16} \times 10.0
 \end{array}$$

ここに、 $0 \leq x_1, x_2, \dots, x_{16} \leq 2^7 - 1 = 127$ 、 $a_1 \sim S_4^0$ ：定数（mm-d）。

評価関数には、 χ^2 誤差評価基準を採用した。 $Z_1 \geq Z_2$ 、各タンクの流出孔定数、浸透孔定数の和が1をこえないなどの制約条件は、ペナルティ関数を用いて導入した。また個体数 m は200、突然変異の生起確率 p_m は0.01とした。

4. 適用結果 解析に用いた資料は、滋賀県永源寺ダム流域の流域平均日降水量と日射量法で求めた月平均日蒸発量で、解析期間は1990年の1年間とした。流量資料には、あらかじめ適当な定数（探索すべき真値に相当する）を設定したタンクモデルに先の降水量、蒸発量を入力して得た計算日流出高を用いることにした。この場合、真値が同定できれば、評価関数値はほとんど0（打ち切り誤差のみ）になる。

まず上述のGAにより16個の未知定数を全て同定してみた。図-2は、各個体の評価関数値の内、最小のものを世代ごと（個体を新しいものに置き換えるごと）に示したもので、乱数の種を変えた20回分の試行結果を示している。これによると世代が進むにつれて評価関数値が急速に減少していくことが分かる。探索すべき真の定数値は $(x_1, \dots, x_{16}) = (60, 40, 20, 20, 40, 40, 10, 20, 40, 30, 20, 20, 20, 20, 50, 30)$ であるが、20回の試行の内100世代目の評価関数値が最小となった個体の定数値は $(x_1, \dots, x_{16}) = (61, 39, 19, 78, 44, 39, 71, 29, 41, 31, 0, 8, 16, 5, 27, 28)$ となった。ほぼ真値が同定されている定数もあるが、かなり異なる値が同定されている定数（とくに下層タンクの定数）もあり、厳密解は得られていない。しかしながら、この個体の相対誤差は1.3%であり、再現性は悪くない。

一方、流出孔と浸透孔の8定数のみを他の定数を既知として同定してみると、20回の試行の内100世代目の評価関数値が最小となった個体の定数値は $(x_1, \dots, x_8) = (60, 40, 20, 20, 41, 40, 10, 22)$ となりほとんど真値に近い定数値が求められている。この個体の相対誤差は0.2%であった。

5. あとがき 本研究では、GAによるタンクモデル定数の同定を試みた。まだ16定数を全てうまく同定するには到っていないが、探索する定数が少ないときは、ほぼ真値を得ることができた。同定精度および同定効率を向上させるためには、GAに山登り法を組み合わせるなどの工夫が必要と思われる。

【参考文献】 1) Wang, Q. J. : The Genetic Algorithm and Its Application to Calibrating Conceptual Rainfall-Runoff Models, Water Resources Research, Vol. 27, No. 9, pp. 2467-2471, 1991.

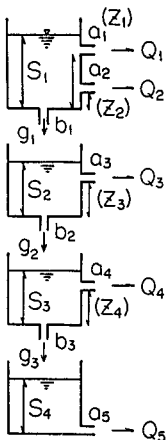


図-1 タンクモデル

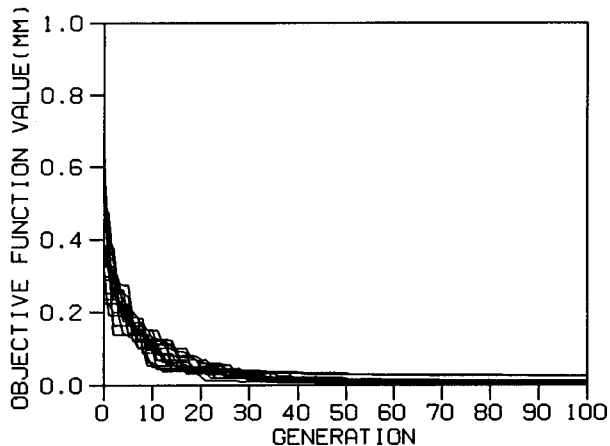


図-2 各世代ごとの評価関数最小値