

III-A 305

遺伝的アルゴリズムを用いた揚水試験データの解析例

岡山大学大学院 学生員 安井克豊  
 岡山大学環境理工学部 正会員 竹下祐二  
 岡山大学環境理工学部 正会員 河野伊一郎

1. はじめに

原位置透水試験データの工学的な解析方法として、遺伝的アルゴリズムを用いた地盤の浸透特性の逆解析的な算定方法の開発を試みた。遺伝的アルゴリズムは生物の進化（自然淘汰・交叉・突然変異）の仕組みをモデル化した情報処理システムである。その適用例として、異方性地盤における揚水試験問題を取り上げ、帯水層の透水係数 (kr,kz)、比貯留係数 (Ss) を独立に推定した結果を報告する。

2. 遺伝的アルゴリズムの概要<sup>1)</sup>

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms、以下GAと記す) は、自然界における生物の進化の過程、つまり世代を形成している個体の集合の中で、環境への適応度の高い個体が次世代により多く生き残り、また交叉および突然変異を起こしながら、次の世代を形成していく過程を模した最適化手法である。

GAでは、探索空間中の探索点を1点ずつ順に探索するのではなく、複数個の探索点を同時に用いる。そして、各探索点が遺伝子をもつ仮想的な生物であるとみなして、各個体に対してそれぞれ環境との適応度が評価される。低い適応度をもつ個体を淘汰して消滅させ、高い適応度をもつ個体を増殖させることにより、親の形質を継承した遺伝子をもつ子孫の個体を生成する世代交代シミュレーションを実行する。この際、生物の生殖において生ずる遺伝子の交叉、および突然変異と呼ばれる操作を行い、最終的に、非常に高い適応度の個体を見いだすことを目的としている。

3. GAの手順

図-1にGAのフローチャートを示す。

【STEP 1】 事象のモデル化：対象となる事象を文字列 (bit、数値などの列) に変換。

【STEP 2】 初期集団の発生：STEP1でモデル化した文字列を多数発生させる。一般に乱数により、ランダムに発生させることが多い。

【STEP 3】 各個体の評価：評価関数を用いて、各個体の環境への適応度を評価する。評価関数は、対象問題と記号列とを関連づける最も重要な役割を果たす。

【STEP 4】 淘汰および増殖：各個体の適応度に応じて、ルーレット法などで次世代に生き残る個体を決定する。

【STEP 5】 交叉：ある2つの個体の文字列を、ランダムな位置で入れ換える操作で、GAのアルゴリズムを特徴づける最も重要な操作である。1点交叉の例を図-2に示す。

【STEP 6】 突然変異：各個体の各ビットをある確率で変化させ、局所解からの脱出および突発的に良い解を得ることを期待する操作である。突然変異の例を図-3に示す。

【STEP 7】 各個体の評価：STEP3に同じ

【終了条件】：集団が設定条件を満たせば、進化シミュレーションを終了する。

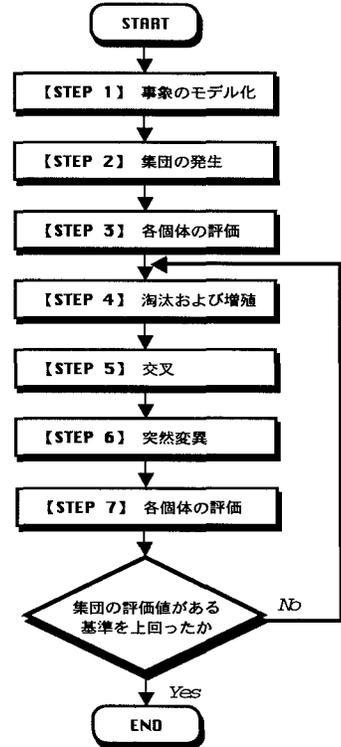


図-1 GAフローチャート

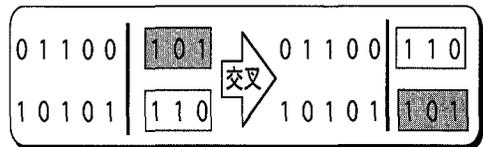


図-2 一点交叉



図-3 突然変異

4. GAを用いた浸透特性値の算定例

解析例として、被圧帯水層において貫入深さ10mの井戸より揚水を行い、帯水層における水位低下挙動から $k_r, k_z, S_s$ を算定する揚水試験問題を考えた。シミュレーションに用いた地盤モデルを図-4に示す。

推定すべき透水係数 $k_r, k_z$ の値は、 $1.0E-4 \leq k$  (cm/s)  $\leq 8.2E-2$ の範囲を128に等分割した値の内、いずれかの値をとり比貯留係数 $S_s$ の値は、 $1.0E-6 \leq S_s$  (cm<sup>-1</sup>)  $\leq 1.6E-4$ の範囲を32に等分割した値の内、いずれかの値をとるものと設定した。また個体の設定は、524,288 (=128 × 128 × 32) 通りの組み合わせが考えられる。

本解析では、一般に個体数は未知数の8~10倍程度がよいとされるので個体数を30とし、初期集団を乱数により発生させ、次に各個体において数値解析による軸対称浸透流解析を行い、各観測点での非定常水位低下データの観測値(真値)と各個体での計算値との残差を評価した。それらの評価値に基づいて、前述のGAの操作を30世代まで行った。ただし交差率0.5、突然変異率0.1とし、またエリート戦略<sup>1)</sup>を用いて同じ条件で2度の解析を行った。ここで真値 $k_r=1.0E-2$  (cm/s),  $k_z=1.0E-3$  (cm/s),  $S_s=1.0E-5$  (cm<sup>-1</sup>) とする。

各世代でのエリート個体の $k_r, k_z, S_s$ , 誤差2乗和の変化を図-5~8に示す。

これらの図より、同じ条件で解析を行っても異なった収束(変化)をしていることがわかる。これはGAの操作が乱数に依存しているためであり、GAの大きな特徴であるといえる。しかし最適解を各々17世代に発見していることから、安定した収束性を発揮している。

最後に、本研究の遂行にあたり、岡山大学工学部情報工学科田中雅博助教より適切なお助言をいただきました。ここに感謝の意を表します。

<参考文献> 1) 坂倉・田中(1995): 遺伝的アルゴリズム、朝倉書店、pp.199.

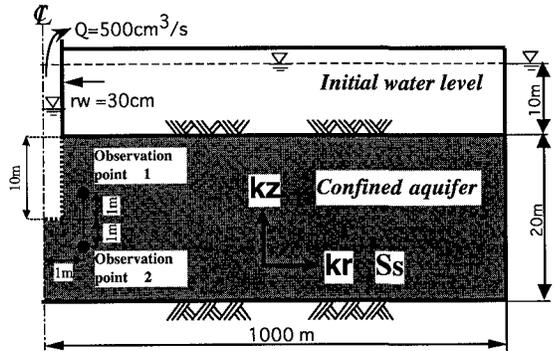


図-4 地盤モデル

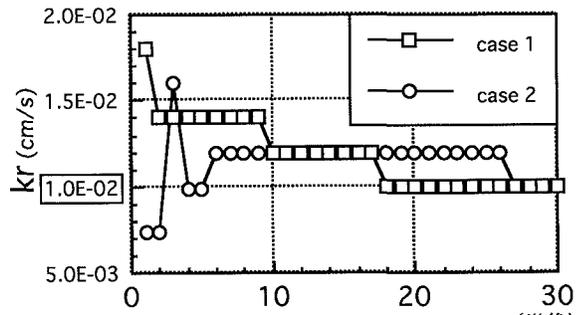


図-5 各世代におけるエリート値のkrの変化

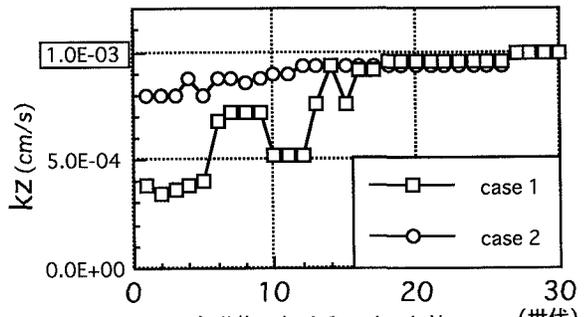


図-6 各世代におけるエリート値のkzの変化

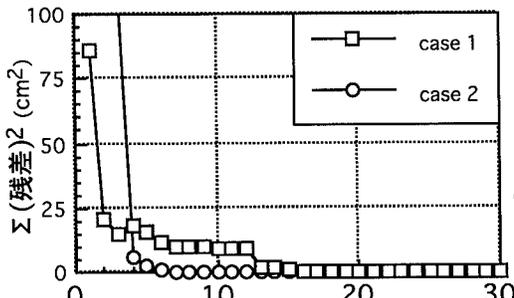


図-8 各世代におけるエリート値の残差2乗和の変化

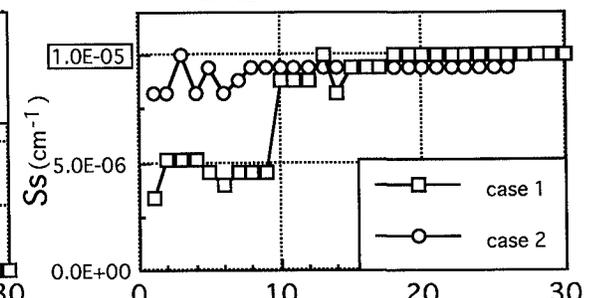


図-7 各世代におけるエリート値のSsの変化