

帯水層定数の逆解析法に関する一考察

— 非線形最小自乗法と遺伝的アルゴリズム法の比較検討 —

岐阜工業高専 正員 ○鈴木孝男 名城大学理工学部 正員 原田守博
名古屋大学工学部 正員 A. ハンマート 名城大学理工学部 学生員 小島健悟
名古屋大学工学部 正員 伊藤義人 名城大学理工学部 学生員 水谷直人

1. はじめに

降雨により地下水位が変動する不圧帯水層について、透水量係数と有効間隙率の逆解析を考える。一般にこれら帯水層定数の同定は、計算水位と観測水位の差を最小化するように目的関数を設定して行われる。しかし、実際の帯水層は水理特性が不規則に分布する不均質場であり、観測水位はその地点の局所性を強く反映したものであるため、目的関数は明確な単一の極小値を持たないことがある。こうした場合、パラメータに対する目的関数の導関数を求める非線形最小自乗法では、パラメータの収束値が初期値に依存するなど、最適値が正しく同定出来ないことがある。本研究は、従来からの最小自乗法と、多数の初期値の中から最適値を確率的に探索する遺伝的アルゴリズム (GA) 法の両者を比較し、その有用性を検討するものである。

2. 対象とする地下水状態と逆解析条件

図-1 に示す水平2次元不圧帯水層について、線形化された支配方程式を順問題として有限要素解析することにより、地下水位変動の観測データを生成する。帯水層の透水量係数 T および有効間隙率 S は空間的に不均一とし、各要素の T は対数正規分布 (平均 2.0, 分散 0.50), S は正規分布 (平均 0.10, 分散 0.0010) から確率的に与える。初期・境界条件は、

初期条件: $h_0 = 10\text{m}$

境界条件: $\partial h / \partial n = 0$ ($\Omega \in \Omega_1$), $h_b = 10\text{m}$ ($\Omega \in \Omega_2$)

ここに、 Ω_1, Ω_2 は図-1 に示される領域の境界である。また、降雨による涵養強度は $R_0 = 1.0$ (mm/day) と想定する。

上記のように、帯水層定数が平均値の周りで変動する不均質帯水層では、各要素のパラメータを個々に同定するよりも、流れ場全体の平均的なパラメータ値を同定すべきであろう。よって本研究では、初期・境界条件と涵養強度が実際の帯水層と同一に設定される均質な等価帯水層を同定対象とする。

3. 逆問題の定式化

帯水層定数の同定は、次の目的関数に基づいて同定される。

$$f(T, S) = \sum_{i=1}^m (h_i^{\text{obs}} - h_i^{\text{cal}}(T, S))^2 \rightarrow \min. \quad (1)$$

ここに、 h_i^{obs} : 観測水位, $h_i^{\text{cal}}(T, S)$: 計算水位である。水位の観測は、図-1 の節点 No. 2, 7, 12 の3地点において、2日ごとに5回観測するものとする。図-2 は、パラメータが $T = 0 \sim 300$ (m²/day), $S = 0 \sim 0.30$ の範囲で変化するときの目的関数 f の挙動を描いたものである。図から分かるように、目的関数の値は谷状の分布を示し、最小値は不明確である。

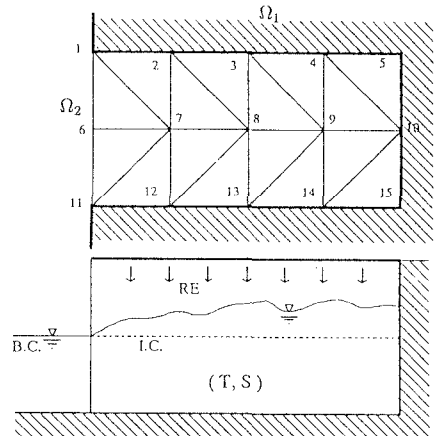


図-1 対象とする地下水状態

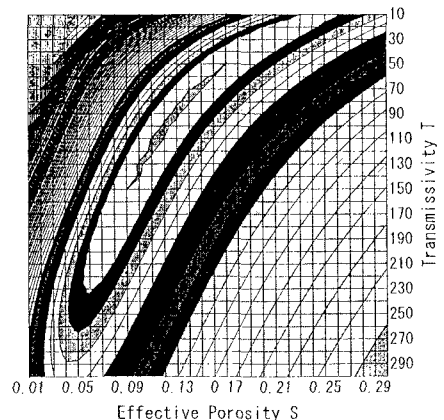


図-2 目的関数の挙動

4. 非線形最小自乗法の同定結果と問題点

非線形最適化問題には種々のアルゴリズムが開発されているが、ここでは基本形ともいえるガウ・ニュートン法を採用する。収束判定は、 $|T_{i+1} - T_i| = T_i/100$, $|S_{i+1} - S_i| = S_i/100$ とする。逆解析の初期値として、 $T=25, 50, 150, 250$ (m²/day) の4通り、 $S=0.05, 0.25$ の2通りの8組とした。同定結果を図-3に示す。上記の厳しい収束条件のため反復回数は数百にも及んでいるが、それにもかかわらず、同定値は初期値によって大きく異なり、広い範囲に分布している。この同定値の分布は図-2の目的関数の凹部に対応している。すなわち不均質帯水層では、目的関数が平坦なために、厳しい同定標準のもとでも同定値が一組に定まらず、最小値を精度良く探索するのは困難であることが分かる。

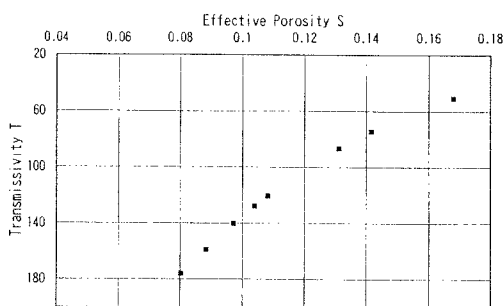
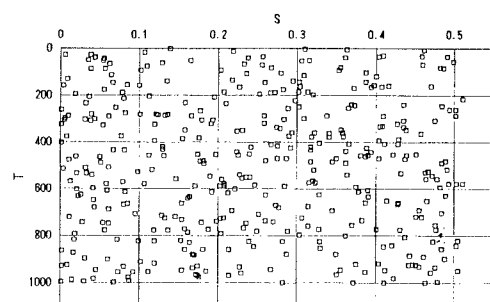
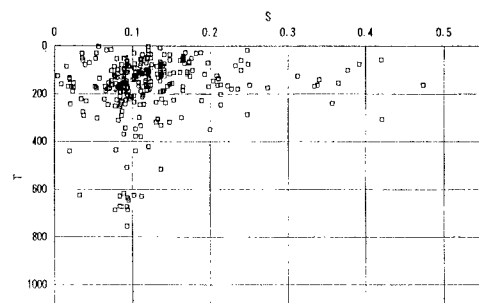


図-3 従来法での同定値の分布状況



(1) 第ゼロ世代



(2) 第10世代

図-4 GA法でのパラメータの分布状況

5. GA法による同定結果

GA法は、生物の遺伝プロセスにならって、“淘汰”“交叉”“突然変異”などの遺伝的操作を目的関数の最適化過程に取り込んだものである。解析では、遺伝子と呼ばれる解候補群から成る“人口”と呼ばれる解集団の生成を行い、これを再生産・交叉・突然変異という進化過程の繰り返しにより、目的関数が最適となるよう収束させる¹⁾。

本研究では、同定しようとするパラメータ T , S を遺伝子に置き換え、人口が400個の解候補群を第ゼロ世代として生成し、解析を開始した(図-4(1))。遺伝操作として交叉確率を80%, 突然変異確率を0.05%とした場合の第10世代の解の分布を図-4(2)に示す。これらの図から分かるように、初期に散らばっていた解候補は、わずかの世代更新によって最適値領域へ集中してゆく。このようにGA法は、解をある最適値空間の分布として把握できる点で従来法に比べ有効である。さらに第20世代まで解析を継続すると、解候補はより小さな領域に集中し、従来の最小自乗法では同定できなかった真の極小値に到達する。以上のことからGA法では、短い計算時間でしかも精度良く最適解を同定できることが分かる。

6. おわりに

水平2次元不圧帯水層について、従来からの非線形最小自乗法とGA法によるパラメータ同定過程を比較検討したところ、以下の事柄が明きらかとなった。

- (1) 今回の問題では目的関数が平坦なため、従来法では収束までに多数の反復計算が必要で、同定値が広い範囲に分布し、精度良く最適解を探索できない。
- (2) GA法は、同時探索であるため、目的関数が平坦な場合でも数回の反復計算により最適解分布を同定することが可能である。

参考文献 1) Goldberg, D. E.: “Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning”, Addison-Wesley Inc. U. S. A., 1989.