

遺伝的アルゴリズムを用いた揚水試験の解析方法

岡山大学環境理工学部 正会員 竹下 祐二
 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 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、多層帯水層地盤における揚水試験問題を取り上げ、各帯水層の透水係数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¹⁾

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

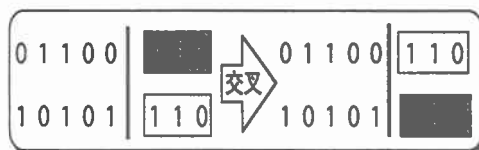


図-2 一点交叉

突然変異前：0 1 0 0 1 1 1 0
 突然変異後：0 1 0 0 1 1 0 0

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、全帯水層を貫通した井戸による揚水を行い、各帯水層における水位低下挙動から各帯水層の透水係数値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。

推定すべき各層の透水係数値は、 $1.0\text{E-}4 \leq k$ (cm/s) $\leq 8.2\text{E-}2$ の範囲を128個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。それらは7bit長の2進数で表現され、また個体（各層の透水係数の組み合わせ）の設定は 128^3 通りの組み合わせが考えられる。

本解析では、初期集団を乱数を用いて発生させ、30個体および50個体の2ケースを考えた。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、真値として与えた各観測点での非定常水位低下データと各個体での水位低下計算値との残差を評価する。それらを用いて、前述のSTEP4～STEP6までの作業を行い、次世代の集団を得る。以上の作業を30世代まで繰り返した。解析結果を表-1に、各世代で最も優れた個体の平均残差値の変化状況をそれぞれ図-5、6に示す。

これらの図より、交叉率を大きく設定してもパラメータの収束性に有為な差が見られなかった。また、突然変異率を0.0に設定した例では残差の値が他のケースに比べて大きい。これは突然変異を生じないために、集団全体が、ある値に収束してしまうためと思われる。個体数については個体数30でも十分な収束を見ることが出来た。本解析では総解析数（=個体数×世代数）が少なくても、優れた個体を探索する個体数30あたりに設定するのが妥当であると考えられる。GAの実行においてこれらの値の設定は、対象問題によって変化するため、試行錯誤的な検討が要求される。

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授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) 坂和・田中 (1995): 遺伝的アルゴリズム、朝倉書店、pp.199.

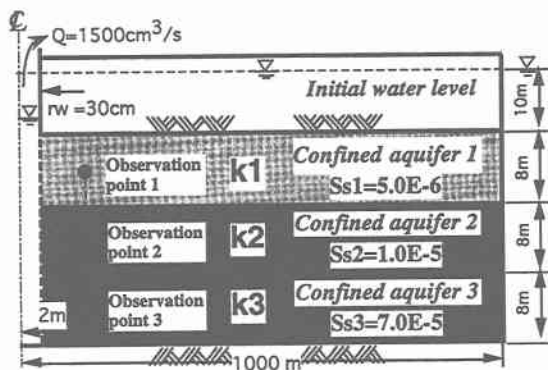


図-4 地盤モデル

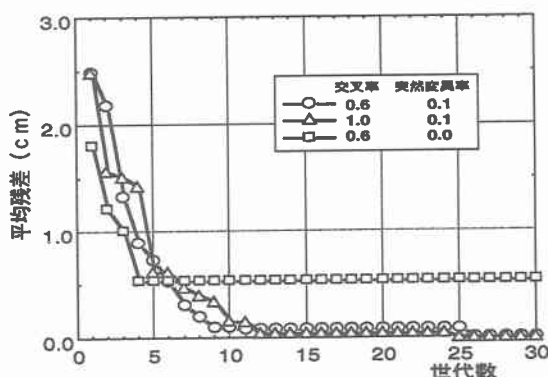


図-5 各世代で最も優れた個体の平均残差値の変化 (個体数30)

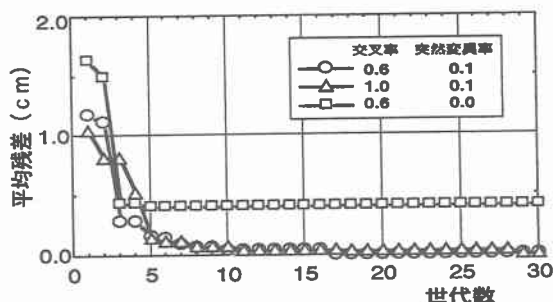


図-6 各世代で最も優れた個体の平均残差値の変化 (個体数50)

表-1 算定結果

個体数	交叉率	突然変異率	到達世代数	k1(cm/s)	k2(cm/s)	k3(cm/s)	平均残差(cm)
30	0.6	0.1	26	1.00E-03	5.00E-04	5.00E-02	0.00E+00
30	1.0	0.1	25	1.00E-03	5.00E-04	5.00E-02	0.00E+00
30	0.6	0.0	4	1.80E-04	2.80E-04	5.00E-02	5.37E-01
50	0.6	0.1	17	1.00E-03	5.00E-04	5.00E-02	0.00E+00
50	1.0	0.1	29	1.00E-03	5.00E-04	5.00E-02	0.00E+00
50	0.6	0.0	5	8.60E-04	8.20E-04	5.00E-02	4.16E-01
真 値				1.00E-03	5.00E-04	5.00E-02	