

# 遺伝的アルゴリズムによる位相速度の逆解析

## PHASE VELOCITY INVERSION USING GENETIC ALGORITHMS

山中 浩明\*, 石田 寛\*\*

Hiroaki YAMANAKA and Hiroshi ISHIDA

The applicability of genetic algorithms in an inversion of surface-wave phase velocities to infer an S-wave velocity profile was examined. S-wave velocities and thicknesses are coded to binary strings, and an individual model is generated by connecting all strings for a subsurface structure model. The fitness is defined by squared summation of differences between observed and calculated phase velocities. In addition to three basic genetic processes of selection, crossover, and mutation, the algorithm was improved by the introduction of elite selection rule and dynamic mutation in which the mutation probability varied according to the variety of individuals in a generation. We applied the method to the inversions of synthetic phase velocities and phase velocities from an actual array observation of long-period microtremors. These results indicate that the GA is highly applicable in phase velocity inversion.

**Keywords :** *inversion, genetic algorithm, phase velocity, surface wave, microtremors, geophysical exploration*

逆解析, 遺伝的アルゴリズム, 位相速度, 表面波, 微動, 物理探査

### 1. はじめに

強震動特性を予測する際には、対象地点の地盤の影響を考慮することが重要である。地盤の震動特性は経験的または解析的に評価される。対象地点固有の地盤特性をより詳しく知るために、解析的手法が有用であると考えられ、代表的な手法であるS波の1次元重複反射理論による地盤の応答計算は耐震設計のためによく用いられている。解析的手法を適用する場合には、地盤構造を知る必要がある。そのために、いくつかの物理探査技術が開発されている。その中で、微動を用いる方法は経済的な探査方法のひとつであると考えられる。微動に関する研究は古くから行われており、最近の計測技術の発展によっていろいろなタイプの観測が行われている<sup>1)</sup>。とくに、高い精度の観測が要求されるアレイ観測も比較的容易に実施できるようになり、いろいろなサイズでのアレイ観測が行われ<sup>2),3),4)</sup>、地盤探査方法のひとつとして確立されつつある。

微動のアレイ観測による地盤探査では、アレイ観測記

録から表面波成分が抽出され、いくつかの周期に対して位相速度が求められる。次に、その位相速度と合うような理論分散曲線を有する地盤モデルが推定される。このような解析手法は微動観測データだけでなく、地震動のアレイ観測記録による位相速度においても用いられている方法である<sup>5)</sup>。

こうした表面波の解析から地下構造を求める際には、観測された位相速度の精度が高い場合には、最小2乗法に基づいて逆解析が行われる。位相速度の理論値は平行成層モデルを仮定し、Haskell<sup>6)</sup>による方法などで計算できるが、一般的には非線形なモデルとなる。そのために、逆解析では観測方程式を疑似線形化し、準ニュートン法に代表される勾配法に従って繰り返し計算を行い、最適解を求めていく。最小にするべき目的関数としては位相速度の理論値と観測値の誤差の2乗和が選ばれることが多い。場合によっては制約条件やペナルティ一関数などが導入されることもある。位相速度が地下構造の変数に對して非線形であるために、各変数に関する誤差の2乗

\* 鹿島・小堀研究室 研究員・工博

\*\* 鹿島・技術研究所 主任研究員・工修

Kobori Research Complex, Kajima Corp., Dr. Eng.

Kajima Technical Research Institute, Kajima Corp.

和の曲面は複雑となり、多峰性であることが多い。そのために、勾配法による逆解析の結果は初期モデルに依存することがある。これは勾配法では初期モデルによっては局所的な最小値に収束し、大局的な最小値を探索できない性質を持っているためである。各種の土質または地球科学的データがある場合には、適切な初期モデルが設定され、大局的な最小値が勾配法でも得られることが期待される。しかし、地殻の表層部分である堆積層においては構造が複雑で、先駆的な情報が少なく、適切な初期モデルの設定が困難な場合が多い。さらに、初期モデルによっては繰り返し計算の途中で地盤の速度や層厚などの変数が負になる場合がある。こうした点を防ぐためにいろいろな制約条件が設けられるが、勾配法では微分項の計算が必要であり、制約条件によってはその導入が困難な場合もある。

このように、位相速度の逆解析で用いられている勾配法による非線形最小2乗法には実用上のいくつかの問題点がある。ここでは、位相速度の逆解析を例として問題点を述べたが、それらは勾配法による多くの逆解析において共通の問題であろう。この研究ではこれらの問題点を解消するために、勾配法とは全く別の考え方であり、最近、最適化問題の解法として注目されている遺伝的アルゴリズム（以下、GA）を表面波の位相速度の逆解析に応用し、その適用性の検討を行った。とくに、微動のアレイ観測からS波速度構造を推定する問題にGAを適用することを主な目的とした。

## 2. 遺伝的アルゴリズムについて

GAは自然淘汰に基づく生物の進化過程を模擬した数理的なモデルであり、1980年代後半からシステム設計など組み合わせ最適化問題の解法としての可能性が検討されている<sup>7)</sup>。GAについては解説的な論文がいくつかあり<sup>8),9),10)</sup>、ここでは議論の展開のためにGAの概要および用いられている用語について説明する。

GAの基本的要素は変数の遺伝子コード化、遺伝的操作（選択、交差、突然変異）、適応度の評価である。これらはFig.1のごとく関係している。探索対象となる変数は実際の物理的な値（表現型：phenotype）を表す問題空間で定義されているが、GAにおいては問題空間の変数は遺伝的操作に適した形（遺伝子型：genotype）にコード化される。したがって、遺伝子コード化は取り扱う問題に依存するが、連続変数の場合には2進数などのコードがよく用いられている。コード化された変数の個々の要素を遺伝子と呼ぶ。2進数の場合、個々のビットが遺伝子に対応している。遺伝子の集まりを染色体と呼び、染色体の集まりを個体と呼ぶ。1変数の問題ではひとつの個体は1つの染色体から作られるが、多変数であれば、ひとつの個体は複数の染色体から構成されることになる。こうした個体の集まりは集団と呼ばれる。Fig.1のよ

うにGAでは遺伝子型の変数の空間であるGA空間において最適な変数の探索が行われる。遺伝子コード化では、物理空間とGA空間が1対1の対応になるようにすることが望ましい。

各個体に対してFig.1にるように問題空間での変数の物理的な値に基づいて適応度が定義される。これは通常の最適化問題では目的関数に対応するものである。GAでは適応度の評価のみが問題空間で行われ、後述する遺伝的操作はGA空間で行われる。したがって、順問題に対する計算が可能な問題であれば、微分計算が必要ないので、簡単にGAを適用できる。これはGAのもつ特長のひとつである。

GAの計算の手順がFig.2に示すとくである。GAでは最初に複数の個体の遺伝子を乱数によって発生させて、初期集団を作る。初期集団のそれぞれの個体の染色体に対して、交差、突然変異、選択の3つの遺伝的操作が行われる。そして、ある条件が成立するまで遺伝的操作が繰り返される。このひとつのサイクルは世代と呼ばれる。

選択は現在の集団からそれぞれの個体の適応度に従ってランダムに新しく同じ数だけ個体を選び、次の世代の

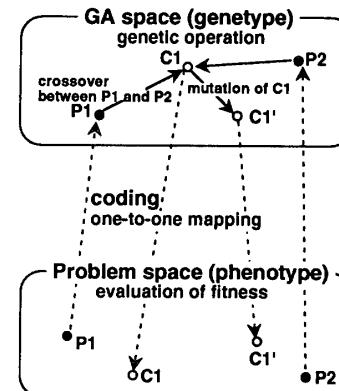


Fig. 1 Relation between GA space and problem space.

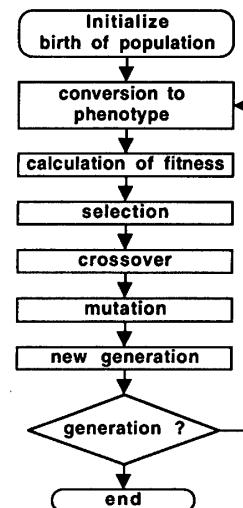


Fig. 2 Procedure of a genetic algorithm.

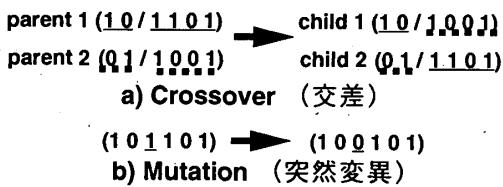


Fig. 3 Example of crossover and mutation.

集団をつくる操作である。選択にはいくつかの方法があり、最も一般的に用いられているものはルーレット選択に基づくものである。ある個体が  $j$  が適応度  $f_j$  を有しているとき、その個体が次世代の集団に選択される確率  $P_j$  は総個体数  $N$  の集団でのその個体の適応度により

$$P_j = f_j / \sum_{k=1}^N f_k \quad \dots \dots \dots \quad (1)$$

に基づいて決められ、ランダムに重複を許して次世代の  $N$  個の個体を選んでいく。

交差は現在の集団からランダムに 2 つの個体のペア（親）を作り、ランダムに選んだ遺伝子の位置で Fig. 3a のように 2 つ個体の染色体を入れ替え、新しい 2 つの個体（子）を作る操作である。Fig. 3a の例では、染色体の 1 ケ所で入れ替えが行われており、1 点交差と呼ばれる。交差によってよい形質をもつ染色体の一部が交換され、より適応度の高い個体が現れることが期待される。最適化問題としてみた場合には、新しい探索点の発生に対応している。

一方、突然変異では集団の中からある確率で個体をランダムに選び、ランダムに選んだ遺伝子の位置で遺伝子の値を Fig. 3b のように反転させる操作である。最適化問題として考えれば、局所的な最小値に収束しそうになつた場合に、突然変異によってそこからの脱出が可能になると考えられる。ただし、突然変異の発生確率が高すぎると、よい形質を持った染色体も破壊される可能性があり、ランダム探索に近くなってしまう場合がある。

以上の遺伝子レベルの操作を繰り返すことによって、ランダムに発生させた初期世代の集団を適応度が最も高い個体、つまり最適解近傍へと収束させていく。

### 3. 位相速度の逆解析への適用

はじめに述べたように、勾配法による位相速度の逆解析には局所収束や計算の不安定さなどの実用上のいくつかの問題点がある。一方、最適化問題としての GA では交差と突然変異によって広域探索と局所探索が可能となっている。さらに、GA では微分や逆行列の計算が不要であり、目的関数や制約条件の制限が少なく、ロバスト性が高く、しかも初期モデルが不要であるなどの利点がある。また、遺伝すると言う意味で、過去のサンプルの評価も利用しており、ランダム探索とも異なっている。

こうした最適化手法としての GA の長所によって、勾配法による位相速度の逆解析における実用上の問題点を解決できると考えられる。

ここでは、微動アレイ観測の解析で使われることが多いレイリー波の位相速度の逆解析を例にして、GA の適用方法について述べる。しかし、基本的には群速度やラブ波についても同様である。

水平成層ではレイリー波の位相速度は周期の関数となり、その関数形は地盤の P 波速度、S 波速度、層厚、密度によって決まる。通常の最小 2 乗法による逆解析と同様に GA による逆解析でもすべての変数を未知数とすることが可能である。しかし、これらの中で、層厚と S 波速度の変化が位相速度に対しての影響が大きいことが知られている<sup>2)</sup>。そこで、位相速度の逆解析において P 波速度や密度は固定されるか<sup>2)</sup>、S 波速度との関係式によって S 波速度と連動するように扱われている<sup>3)</sup>。以下では、S 波速度と層厚を未知数として、GA に基づいた位相速度の逆解析方法について述べる。

変数の遺伝子コード化では各層の S 波速度と厚さについて探索範囲の上限と下限を決め、その間を  $2^n$  に離散化し、 $n$  ビットから成る 2 進数に変換する<sup>11)</sup>。つまり、各層の S 波速度と層厚はそれぞれ  $(0, 0, \dots, 0)$  から  $(1, 1, \dots, 1)$  の間に分布する染色体にコード化されることになる。 $M$  層からなる地盤モデルでは、各層の S 波速度と層厚に対する染色体が順に連結され、ひとつの個体となる。最下層が半無限媒質であるとすれば、ひとつの個体は  $n \times (2M-1)$  ビットの染色体長を持つ染色体となる。

適応度については従来の勾配法による最小 2 乗法のように微分項の計算の必要がないので、かなり自由に設定できる。前述したように適応度は選択の基準になるので、基本的には観測された位相速度と地盤モデルに対する理論位相速度との一致の程度が高いほど、適応度が高くなるように設定すればよい。また、ルーレット選択などを用いる場合には、適応度を常に正值にする必要もある。ここでは、最小 2 乗法と同様に、周期  $T_i$  に対して観測された位相速度  $c_0(T_i)$  と理論値  $c_c(T_i)$  の誤差の 2 乗平均値の逆数として個体  $j$  について適応度  $f_j$  を

$$f_j = \frac{1}{L} \sum_{i=1}^L [C_0(T_i) - C_c(T_i)]^2 \quad \dots \dots \dots \quad (2)$$

と定義する。ここで、 $L$  は周期ごとに観測された位相速度の数である。また、この適応度の逆数である誤差の 2 乗平均値を misfit と呼ぶ。適応度の計算に必要な位相速度の理論値は Haskell<sup>6)</sup>による方法で計算する。また、P 波速度は狐崎ら<sup>12)</sup>による S 波速度との関係式

$$V_p = 1.11 V_s + 1290 \text{ (m/s)} \quad \dots \dots \dots \quad (3)$$

によって S 波速度と連動させ、密度については各層で一定値とする。

観測された位相速度について何らかの形で分散が明らかになっている場合には、分散  $\sigma(T_i)$  で位相速度の誤差を正規化し、

$$f_i = \frac{1}{\sum_{i=1}^L \left( \frac{C_0(T_i) - C_c(T_i)}{\sigma(T_i)} \right)^2} \quad \dots \dots \dots (4)$$

によって適応度を評価する。

選択ではルーレット規則に従って、それぞれの個体の選択確率を式(1)に基づいて決め、適応度の総和を 1 に正規化し、0 から 1 の乱数を  $N$  個だけ発生させて、現在の世代の集団から重複を許して次の世代の  $N$  個の個体を選んでいく。

選択で新しく発生したすべての個体はランダムに 2 つの個体のペアに分けられ、交差が行われる。各ペアごとに 0 から 1 の乱数をひとつ与え、それが与えられた交差確率  $P_c$  を下回った場合に、交差を行うことにする。ひとつの個体は複数の変数に対する染色体から構成されているので、交差は各変数に対応する染色体ごとに乱数で選んだ 1 点で 1 点交差を行うことにする。したがって、個体レベルでみれば、多点交差となっている。

交差の後に、突然変異の操作が行われる。突然変異確率  $P_m$  を与え、すべての個体のすべての遺伝子に対して 0 から 1 に分布する乱数をひとつ与え、その乱数が  $P_m$  を下回った場合にその遺伝子位置のビットを 1 から 0 または 0 から 1 に反転させる。

以上の操作を指定世代数だけ繰り返して、計算を終了する。収束の状況は各世代の個体の中での最小 misfit 値の推移で評価し、全世代を通じて最小の misfit 値をもつ個体を 1 回の試行での最適解とする。さらに、GA は最適解の確率的探索方法であるので、安定した解を得るために乱数の初期値を変えて複数回の試行を行うこととする。

以上のような操作から構成される GA は単純 GA と呼ばれている。さらに最適解の探索能力を向上させるために単純 GA にいくつかの操作を加える。ここでは、動的突然変異とエリート選択の導入についての検討を行う。同じ染色体を有する個体が集団の多数を占めると、局所収束になりやすくなる。そこで、集団の収束状況に応じて突然変異確率を変化させることを考える。各世代の集団が収束せず、集団に多様性がある場合には、交差が効果的に働くように突然変異確率を低く抑え、集団が均質に近づいてきた時には、突然変異確率を大きくし、集団の多様性を確保する。その結果、大局的な探索が常に可能になると考えられる。個体の多様性の指標として、1 つの集団での  $N$  個の個体の各変数  $x_i$  の分散

$$\sigma_i = \sqrt{\frac{\sum_{j=1}^N (x_{ij} - \bar{x}_i)^2}{N}} \quad \dots \dots \dots (5)$$

を求め、それを各変数の集団での平均値  $\bar{x}_i$  で正規化し、すべての  $M$  個の変数について平均した値

$$\gamma = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \left( \frac{\sigma_i}{\bar{x}_i} \right) \quad \dots \dots \dots (6)$$

を各世代での選択の操作の後に計算し、 $\gamma$  の値によって突然変異確率を変化させて、突然変異を行う。以下、この操作を動的突然変異を呼ぶ。

後述のとおり、突然変異確率が高過ぎると、適応度の高い個体の染色体まで破壊する場合がある。これを防ぐために、ルーレット選択に加え、エリート選択を行う。これは新しく生じた世代の集団の最小 misfit 値が前世代での最小 misfit 値より大きい場合には、強制的に前世代の最小 misfit 値の個体を新しい世代の集団の中に入れ、その代わりに新しい世代の中で misfit 値が最も大きい個体（誤差が大きい地盤モデル）を取り除く操作である。一般に、エリート選択のみでは局所収束に陥りやすいとの指摘があるが<sup>13)</sup>、動的突然変異と合わせることで収束を速くすることに関して効果的に働くと期待される。

#### 4. 数値実験結果

##### 4.1 S 波速度のみを変数とした場合

まず、単純な例として各層の層厚が既知であり、S 波速度のみが未知数である場合について単純 GA による逆解析の数値実験を行った。

用いた地盤モデルは Table 1 に示すとく 4 層から構成されている。この研究では周期 1 秒以上のやや長周期微動のアレイ観測によるレイリー波の位相速度の逆解析へ GA を応用することを主な目的のひとつとしており、この地盤モデルは地震基盤までの深い地盤を想定したものである。この地盤モデルに対する基本モードのレイリー波の理論位相速度が Fig. 4 に示されている。この数値実験では Fig. 4 の位相速度のうち周期 1.5–8 秒の間でほぼ等間隔にサンプリングされた 19 個の周期に対する理論値を観測値と仮定した。各層の S 波速度の探索範囲も Table 1 に示されており、層厚と密度は理論値を計算した値に固定した。それぞれの層に対する S 波速度は 6 ビットで離散化され、2 進数の遺伝子型データにコード化される。したがって、個体の遺伝子長は 24 ビットとなる。

前述のように、GA では交差確率 ( $P_c$ )、突然変異確率 ( $P_m$ )、総個体数 ( $Q$ ) など設定するべき変数がある。これらを決定する厳密な基準は現在のところ明らかではなく<sup>9)</sup>、GA を適用する問題ごとにチューニングする必要がある。

Table 1 Test model

	True model			Search area
	Vs(km/s)	H(km)	$\rho(g/cm^3)$	
1	0.6	0.4	1.8	0.2–1.0
2	1.0	0.5	2.0	0.5–1.5
3	1.5	0.6	2.3	0.8–2.0
4	3.2	$\infty$	2.5	2.8–3.8

※P wave velocity is assumed from the relation between Vs and Vp by Kitsunezaki et al. (1990).

ある。そこで、まず、これら3つの変数の変化の影響について検討する。

$P_c$ ,  $P_m$ ,  $Q$ のうち1つを変化させ、残り2つを固定して、計算を行い、各世代の最小misfit値の収束状況を比較した。Fig. 5(a)は $P_c$ ,  $Q$ をそれぞれ70%, 20として、 $P_m$ を0%から10%まで4段階に変化させたときの各世代の最小misfit値を示している。5世代まではどの場合も同様の傾向である。しかし、5世代目以降では $P_m$ による差異が認められる。 $P_m$ が0.1%以下と小さい場合には、5世代目でほぼ一定値に収束してしまい、それ以降の世代では、よりmisfit値の小さい個体は生じていない。一方、 $P_m$ が1%または10%の場合には、20世代目までは次

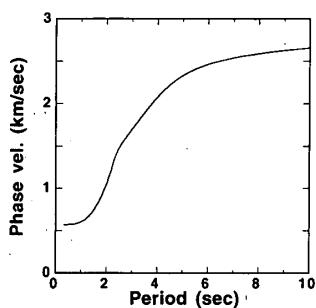


Fig. 4 Phase and group velocity dispersion curves of fundamental Rayleigh wave in the subsurface structural model shown in Table 1. The phase velocities in a period range from 1.5 to 8 sec are used for the test of GA inversion.

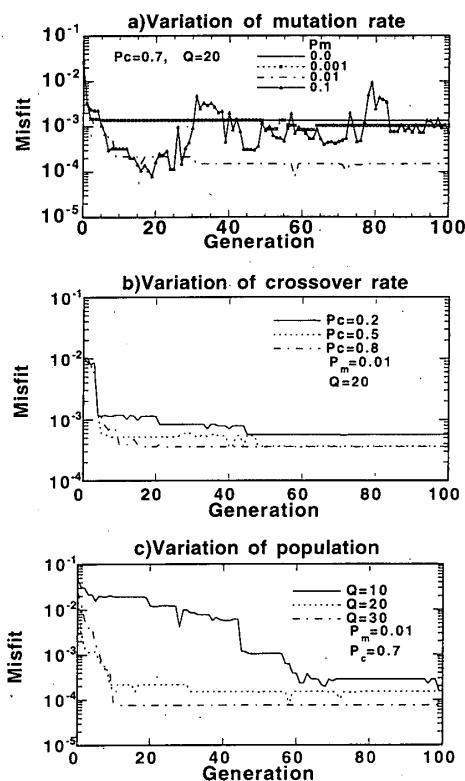


Fig. 5 Comparison of convergence of misfit values due to increasing generation between the inversions of synthetic phase velocities in Fig. 4 with different (a) mutation probabilities, (b) crossover probabilities, and (c) population sizes.

第にmisfit値は小さくなり、 $P_m$ が小さい場合に比べ、より観測値に合うモデルが得られている。しかし、 $P_m$ が10%と大きい場合には、20世代以降で収束せず、約30世代目でmisfit値は $P_m$ が0%の場合より大きくなっている。これは突然変異によってmisfit値がより小さい個体の染色体が破壊されるためである。このように突然変異によって局所的な収束を防ぎ、より広域な探索が可能となるが、一方で適応度の高い遺伝子列も壊してしまう場合があるので、注意が必要である。

つぎに、交差確率 $P_c$ について検討する。 $P_m$ ,  $Q$ を1%, 20として、 $P_c$ を20%, 50%, 80%と変化させた結果がFig. 5(b)に示されている。 $P_c$ が低い場合には、遺伝子の情報の交換が少なくなり、収束が遅くなっている。しかし、 $P_c$ 50%以上ではほぼ同様の収束状況となり、ある程度高い交差確率があれば、収束状況にはあまり変化がないと考えられる。

Fig. 5(c)は $P_c$ 70%,  $P_m$ 1%ととして、総個体数 $Q$ を10, 20, 30と変化させたときの収束状況を示している。 $Q$ が大きいほど、misfit値が小さい個体が得られている。GAでは複数の個体を用いて並列に探索を行っているので、総個体数が多くなるほど、探索能力は向上する。しかし、個体数が多くなると、計算時間が長くなるので、収束が顕著に遅くならない程度に個体数を少なくすることが望ましい。この場合には $Q$ は20が適当であると考えられる。

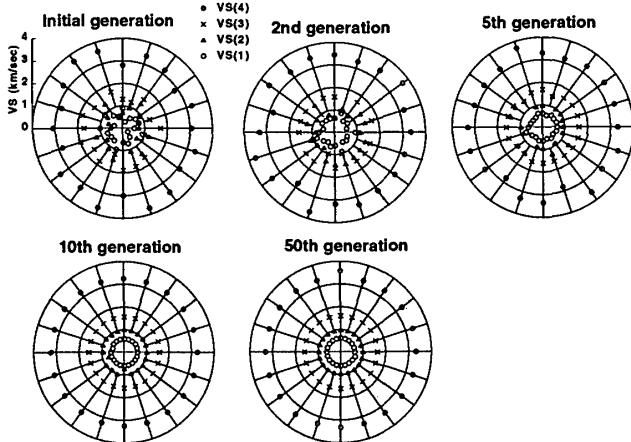
上記の検討から、総個体数を20、交差および突然変異確率をそれぞれ70%, 1%に設定し、100世代までの計算を行うことにする。さらに、乱数の初期値を変えて20回の試行を行う。

計算結果の1例として、Fig. 6には4つの層のS波速度が世代の更新に従って変化していく状況が示されている。それぞれの円はひとつの世代に存在するすべての個体の状況を示している。円の中心までの距離がS波速度の値であり、同一半径上に並ぶ4つの点がひとつの個体に対する各層のS波速度に対応している。ランダムに発生させられた初期世代では各層のS波速度は個体毎にばらついている。しかし、世代の更新に従って、多くの個体の各層に対するS波速度は同心円上に並んでおり、ほぼ一定の値に収束している。しかし、ほぼ収束していると考えられる10世代目以降でも、突然変異によって収束している値からはずれたS波速度を持つ個体も現れて、新しい探索点の模索が行われていることがわかる。Fig. 7には各世代で得られた最小misfit値の変化が20回の試行の結果として示されている。30世代程度ではほぼ収束している。20回の試行の結果から試行ごとに最小misfit値を示す解が得られる。これら20個の地盤モデルについて各層ごとにS波速度を平均して得られる平均地盤モデルが標準偏差とともにFig. 8に示されている。

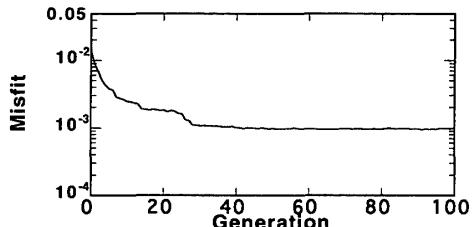
逆解析によって推定されたモデルはほぼ正解値となっていることがわかる。

## 4.2 動的突然変異およびエリート選択の導入

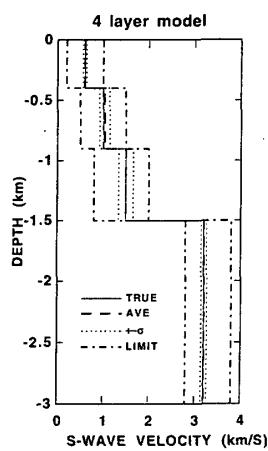
Fig. 7 のように集団は約30世代で収束し、それ以降では、大幅に misfit 値は小さくなっていない。これは世代更新が進んでくると、選択と交差の結果、染色体が類似している個体の数が集団の大半を占めて、交差により新たな探索点が模索されにくいうことが原因であると考えられる。しかし、Fig. 5 (a)で示されているように、突然変異



**Fig. 6** Variation of shear wave velocities in all models in several generations for the inversion of the synthetic phase velocities. All individuals in a generation are indicated in a large circle. An individual model has four S-wave velocities arranged in the same azimuth. The distance from the center corresponds to S-wave velocity.



**Fig. 7** Plot of misfit values against generation for the simple GA inversion of the synthetic phase velocities in Fig. 4. Only S-wave velocities are parameterized. Results of 20 calculations with different random values are averaged.



**Fig. 8** Comparison between the true model (thin line) and model obtained from averaging 20 models obtained by the GA inversions with different random values (broken line). Standard deviation for the inverted models is also shown by dotted lines, and search area is indicated by dash-dotted lines. Only S-wave velocities were parameterized in the inversion.

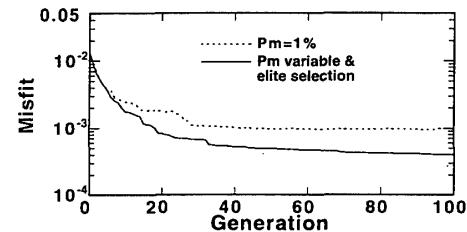
が局所収束からの脱出に効果的であることから、動的突然変異を導入することにする。式(6)に基づいて  $\gamma$  の値を世代更新ごとに計算し、それによって突然変異確率  $P_m$  を

$$P_m=5.0\% \quad 0.02 \leq \gamma \leq 0.1$$

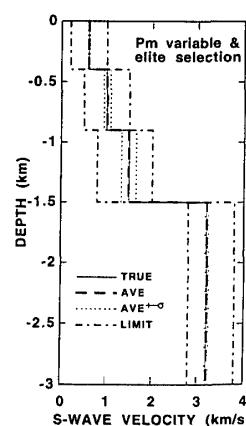
$$P_m = 10.0\% \quad 0.02 \geq \gamma$$

のように変化させて、突然変異を行った。さらに、適応度の高い個体の染色体が破壊されることを防ぐために、エリート選択も加える。

以上の操作を単純 GA に加えて、前述の場合と同様の条件で20回の計算を行った。Fig. 9 は世代ごとの最小 misfit 値の推移を示している。約10世代目までは、Fig. 7 に示されている突然変異確率を 1 % に固定した場合と同様の傾向であるが、それ以降でより misfit 値の小さい個体が見つけられており、この改良によって最適解の探索能力が向上していることがわかる。20回の試行から得られた最小 misfit 値を示す個体の S 波速度を平均した地盤モデルが Fig. 10 に示されている。突然変異確率を 1 % に固定した計算結果である Fig. 8 の地盤モデルと比べると、試行ごとの S 波速度についての分散が少なくなっており、より信頼性の高い逆解析結果が得られている。



**Fig. 9** Plot of misfit values against generation for the GA inversions of synthetic phase velocities in Fig. 4. In the inversion, only S-wave velocities are parameterized. Solid and dotted lines indicate the plots for simple GA inversion and GA inversion with elite selection and dynamic mutation, respectively. Results of 20 calculations with different random values are averaged.



**Fig. 10** Comparison between true model (thin line) and model obtained from averaging 20 models obtained by the GA inversions with different random values (broken line). Standard deviation for inverted models is also shown by dotted lines, and search area in indicated by dash-dotted lines. In the inversion only S-wave velocities were parameterized, and elite selection and dynamic mutation were introduced.

る。

#### 4.3 S 波速度と層厚を変数とした場合

S 波速度だけでなく、層厚も変数として GA による位相速度の逆解析を行った。地盤モデルは上記の例と同じ 4 層モデルである。用いた位相速度の周期帯域も同様である。各 S 波速度と層厚の探索範囲は Table 2 のごとくであり、すべての変数を 6 ビットで離散化した。したがって、染色体長は 42 ビットとなる。総個体数は 20、交差確率は 70%、動的突然変異、エリート選択の扱いも S 波速度のみを変数とした場合と同様である。100 世代までの計算を乱数を変えて 20 回行った。

Fig. 11 は最小 misfit 値の世代に対する推移を示し、ほぼ 40 世代で収束している。Fig. 12 には 20 回の試行の結果で得られた平均地盤モデルが示されている。第 3 層目に対する S 波速度と層厚の分散が多少大きいが、逆解析

で得られた地盤モデルの平均値はほぼ正解値に等しくなっている。Fig. 10 の S 波速度のみを変数とした場合の逆解析結果に比べ、深い部分の S 波速度の試行毎のばらつきは多少大きくなっているが、平均値はほとんど同様で、正解値付近になっており、S 波速度と層厚を変数としても、GA による逆解析によって大局的な最小値を探索できると考えられる。

#### 5. 微動アレイ観測による位相速度の逆解析

##### 5.1 首都圏西部での微動アレイ観測の概要

4 章で述べた GA による位相速度の逆解析方法を実際に微動アレイ観測によって得られた位相速度に対して適用する。アレイ観測は東京都調布市周辺で地震基盤までの深い地盤の S 波速度構造を調査することを目的として行われた。詳細は山中ら<sup>14)</sup>にまとめられており、ここではその概要を述べる。

観測では、直径約 2 km の円内の 10 地点に設置された小型長周期地震計によって周期 1 秒以上の微動の上下成分が記録された。そして、 $f-k$  スペクトル解析によって周期 1 秒から 5 秒の間でレイリー波の位相速度が得られている。さらに、その位相速度から準ニュートン法のひとつである Marquardt 法<sup>15)</sup>によって逆解析が行われ、S 波速度構造が推定されている。その際には、層厚のみが変数とされ、P 波および S 波速度はアレイ観測地域の数キロ西にある深層ボーリング孔で実施された VSP (Vertical Seismic Profiling) 探査<sup>16)</sup>による値に固定されている。そして、初期モデルとしては VSP 探査から得られた層厚が使われている。つまり、初期モデルとしては、極めて良いものであった。

##### 5.2 GA による逆解析

微動アレイ観測記録の $f-k$  スペクトル解析から各周期ごとに得られた位相速度は Fig. 13 に示されている。各周期の位相速度に対して分散も得られているので、適応

Tobitakyu

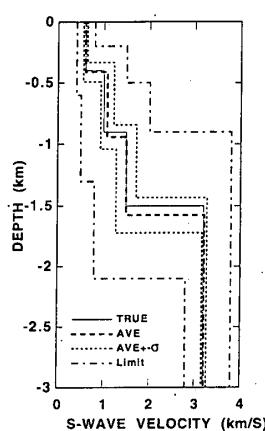


Fig. 12 Comparison between true model (thin line) and model obtained from averaging 20 models obtained by the GA inversions with different random values (broken line). Standard deviation for inverted models is also shown by dotted lines, and search area is indicated by dash-dotted lines. In the inversion S-wave velocities and thickness are parameterized, and elite selection and dynamic mutation were also introduced.

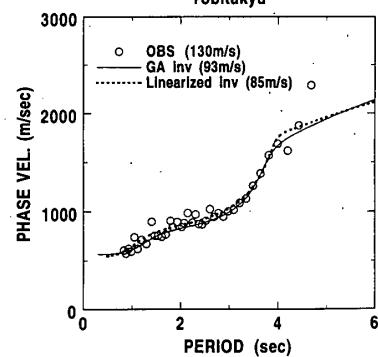


Fig. 13 Comparison of observed phase velocities with those for inverted models. Solid circles indicate Rayleigh wave phase velocities obtained from the array measurements of long-period microtremors in the western part of Kanto Plain<sup>14)</sup>. The fundamental Rayleigh wave phase velocities calculated for the models estimated from GA inversion and a linearized inversion<sup>14)</sup> depicted in Fig. 16 are shown by solid and dotted lines, respectively.

度の計算には(4)式を用いた。山中ら<sup>14)</sup>の逆解析では VSP 探査の情報から 7 層モデルを仮定している。ここでは、先駆的情報がない場合を考える。一般に、関東平野の地質構造は第四紀層、2 つの第三紀層（上総層群、三浦層群）と先第三紀の基盤から構成されていると考えられる。そこで、4 層モデルを仮定し、S 波速度および層厚を変数とした GA による逆解析を行う。各層に対する S 波速度と層厚の探索範囲が Table 3 に示されている。S 波速度と層厚にはトレードオフの関係があることもあり、この逆解析では S 波速度の探索範囲をやや狭くし、層厚の探索範囲を広くした。それぞれの変数は 6 ビットの 2 進数でコード化されており、染色体長は 48 となる。P 波速度は(3)式によって S 波速度と連動させ、密度は Table 3 の値に固定している。個体数を 40、交差確率を 70% とし、動的突然変異確率は(7)式に従った。計算は 50 世代まで繰り返し、乱数の初期値を変えて 10 回の試行を行った。

Fig. 14 は各世代の最小 misfit 値の推移を 10 回の平均値で示している。ほぼ 10 世代で収束し、それ以降では 10 回の試行ごとに得られる最小 misfit 値のばらつきは小さくなっている。全局的な最小値に達していると考えられる。Fig. 15 には得られた地盤構造モデルが探索範囲とともに示されている。基盤のひとつ上に存在する層の層厚に対する分散が多少大きくなっている以外は、ばらつきが少なく精度よく推定されていると考えられる。

前述のごとく、同じ位相速度を用いて準ニュートン法による逆解析がすでに行われ、S 波速度構造が得られている<sup>14)</sup>。ここで、GA による逆解析からの地盤モデル、準ニュートン法による逆解析からの地盤モデル<sup>14)</sup>および VSP 探査による地盤モデル<sup>15)</sup>を比較した (Fig. 16)。GA による逆解析モデルでは 4 層モデルであり、深さ 1 ~ 1.5

Table 3 search area

	Vs (km/s)	H(km)	p(g/cm <sup>3</sup> )
1	0.2-0.7	0.05-0.85	1.8
2	0.5-1.2	0.05-1.25	2.0
3	1.1-1.8	0.05-1.25	2.2
4	2.5-3.5	∞	2.5

※P 波速度は assumed から得られるVs と Vp の関係式<sup>14)</sup>による。

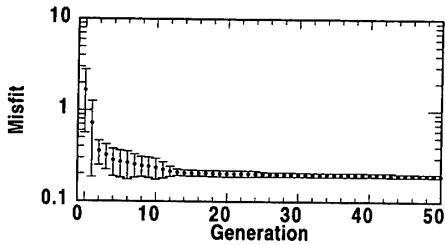


Fig. 14 Plots of misfit values against generation for the inversion of phase velocities in Fig. 13. In the inversion, S-wave velocities and thicknesses for 4 layer-model are parameterized with an introduction of elite selection and dynamic mutation. Results of 10 calculations with different random values are averaged.

— 16 —

km の S 波速度が VSP 探査の結果と異なっている。しかし、それ以外は両者はよく一致している。また、準ニュートン法による逆解析モデルとは、基盤深さが 2.3 km となっていることを除けば、同程度に一致したモデルとなっている。準ニュートン法と GA による逆解析から得られた 2 つの地盤モデルでの基本モードのレイリー波に対する理論位相速度と観測された位相速度の比較は Fig. 13 に示されている。それぞれの地盤モデルに対する理論位相速度と観測値の誤差の標準偏差は GA では 93 m/s、準ニュートン法では 85 m/s となる。観測された位相速度の標準偏差の平均値が 130 m/s であることを考慮すれば、2 つの地盤モデルによる理論分散曲線はほぼ同程度に観測値を説明していると考えられる。

このように、非常に良い初期モデルを用いた準ニュートン法による逆解析と同程度の地盤モデルの推定が GA による逆解析によっても可能であることが確認できた。GA では特定の初期モデルが必要でなく、位相速度の逆

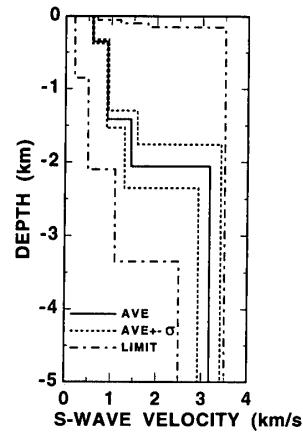


Fig. 15 Results of the GA inversion of phase velocities in Fig. 13. The dotted line indicates structural models inverted from GA inversion of phase velocities in Fig. 13. Results of 10 models from the GA inversions with different random values are averaged. Standard deviation of inverted models is also shown by dotted lines, and search area is indicated by dash-dotted lines.

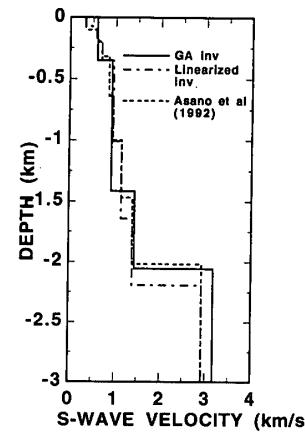


Fig. 16 Comparison of the S-wave velocity model inverted from GA inversion with models from a linearized inversion<sup>14)</sup> and a VSP exploration at a deep borehole nearby<sup>16)</sup>.

解析において GA は実用性が高いと考えられる。

## 6. 議論とまとめ

GA に基づいた表面波の位相速度の逆解析方法について述べ、数値実験および観測データの逆解析を行い、その適用性の検討を行った。

数値実験の結果より、選択、交差、突然変異から成る単純 GA に、動的突然変異、エリート選択を加えることによって収束が速くなることがわかった。また、S 波速度のみを変数としても、S 波速度と層厚を変数としても、ほぼ同様に正解値に収束させることができた。さらに、実際に微動アレイ観測により得られた位相速度にもこの逆解析方法を適用し、地震基盤までの S 波速度構造を推定した。GA による逆解析結果は既存の深井戸での探査結果とよく一致しており、妥当な地盤モデルを推定することができた。以上のことから、GA は位相速度の逆解析においても大局的な最適モデルの探索に有効であると考えられる。さらに、GA の特徴として、①初期モデルの制約が少ないので、②ロバスト性が高い、③微分計算が要らないなどの点で、従来の勾配法にない利点がある。とくに、地震基盤までの深い堆積層の構造に関しては先駆的な情報が乏しく、適切な初期モデルを必要としないことは微動アレイ観測による位相速度の逆解析において実用性の面からも有用である。

GA にはこうした利点がある一方で、従来の勾配法に比べると欠点もある。例えば、変数のレゾリューションや推定誤差は逆解析結果を評価する上で重要な指標であるが<sup>22)</sup>、GA による逆解析では全く評価できない。したがって、実際には状況に応じて両者を使い分けるべきであろう。GA による逆解析で大局的な準最適モデルを探査し、それを初期モデルとして従来の勾配法などにより最終的な最適モデルや変数の推定誤差などを求めることができるのである。

ここで述べた方法では、選択の基準となる適応度の計算は勾配法と同じく誤差の 2 乗平均値を使っており、勾配法と同じ誤差曲面での探索を行っている。勾配法に比べ、GA では適応度の評価はより自由であり、別の評価関数や制約条件を使えば、さらに、探索能力の改善を行うことが可能性であると思われる。とくに、この研究では層数を固定しているが、層の分割数の影響や層分割 자체を変数に含めるなどについて今後検討する必要がある。

この研究では、微動のアレイ観測により得られる位相速度の逆解析へ GA を適用することを念頭に置いて検討を行ったが、ここで述べている方法は地震記録から得られる表面波の群速度の逆解析にも適応度を計算する部分のみを変更するだけで応用できるものであり、群速度の逆解析にも GA は有用であると考えられる。

## 謝辞

この研究は鹿島小堀研究室鎌形修一氏のアドバイスが

契機となって始められ、多くの議論をして頂きました。また、鹿島小堀研究室武村雅之氏、鹿島技術研究所丹羽正徳氏にも議論して頂きました。また、2名の査読者からのご意見はこの論文をまとめるに際して参考になりました。記して感謝いたします。

## 参考文献

- 1) 鏡味洋史：微動観測とその工学的利用、地学雑誌、Vol. 97, No. 5, pp.409-422, 1988
- 2) Horike, M. : Inversion of phase velocity of long-period microtremors to the S-wave-velocity structure down to the basement in urbanized area, J. Phys. Earth, Vol. 33, pp.59-96, 1985.
- 3) Matsushima T. and H. Okada : Determination of deep geological structures under urban areas using long-period microtremors, Buturi-Tansa, Vol. 43, No. 1, pp. 21-33, 1990
- 4) Tokimatsu, K., K. Shinzawa, and S. Kuwayama : Use of short-period microtremors for Vs profiling, Jour. of Geotechnical Eng., ASCE, Vol. 118, No. 10, pp.1544-1558, 1992.10.
- 5) 例えば、山中浩明、釜田正毅、武村雅之、高橋克也：関東平野北西部におけるやや長周期地震動特性、日本建築学会大会学術講演梗概集(北陸), 構造 I, pp.417-418, 1992年8月
- 6) Haskell, N.A : The dispersion of surface waves in multilayered media, Bull. Seism. Soc. Am., Vol. 54, pp. 657-679, 1960.
- 7) Goldberg, D.E. : Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning, Addison-Wesley, 1989.
- 8) 小林重信：遺伝的アルゴリズムの現状と課題、計測と制御, Vol.32, pp.2-9, 1993年1月
- 9) 西川緯一：遺伝アルゴリズムとその工学的意味、システム/制御/情報, Vol. 37, No. 8, pp.445-449, 1993年
- 10) 北野宏明編：遺伝的アルゴリズムとその応用、産業図書, 1993
- 11) Stoffa, P.L. and Sen, M.K. : Nonlinear multiparameter optimization using genetic algorithms: Inversion of plane-wave seismograms, Geophysics, Vol. 56, No. 11, pp.1794-1810, 1991.11
- 12) 狐崎長良、後藤典俊、小林芳正、井川猛、堀家正則、斎藤徳美、黒田徹、山根一修、奥住宏一：地震動予測のために深層地盤 P・S 波速度の推定、自然災害科学, 9-3, pp.1-17, 1990年
- 13) 山村雅幸、小林重信：遺伝的アルゴリズムによる組合せ最適化、シミュレーション, 第12巻, 第1号, pp.4-10, 1993年5月
- 14) 山中浩明、武村雅之、石田寛、池浦友則、野澤貴、佐々木透、丹羽正徳：首都圏西部におけるやや長周期微動の観測と S 波速度構造の推定、地震 2, 第47巻, pp.163-172, 1994
- 15) 中川徹、小柳義夫：最小二乗法による実験データ解析、東京大小出版会, 1982
- 16) 浅野周三、安井謙、若松邦夫、鈴木宏芳、山水史生、井川猛：首都圏における地下構造調査 その 1 東京都府中市における VSP 法探査、日本建築学会大会学術講演梗概集(北陸), 構造 I, pp.413-414, 1992年8月

(1994年6月10日原稿受理, 1994年12月5日採用決定)