

РУБРИКА: ИНЖЕНЕРНАЯ И РУДНАЯ ГЕОФИЗИКА

Синтез монтажного подхода и эволюционной оптимизации при решении обратной задачи гравиметрии

А. С. Долгаль (Горный институт УрО РАН), Н. В. Рыжов (Пермский государственный национальный исследовательский университет)

Представлен способ решения обратной задачи гравиметрии для одиночного изолированного объекта в классе конечноэлементных моделей, базирующийся на монтажном подходе и включающий в структуру итерационного процесса дополнительный этап подбора оптимальных элементов конфигурации носителя аномальных масс алгоритмом эволюционной оптимизации. В такой модификации оптимизационный алгоритм можно рассматривать как сглаживающий регуляризатор, ослабляющий степень проявления в структуре решения малосодержательных фрагментов. Рассмотрены в сравнении с классическим методом регулируемой направленной кристаллизации преимущества и недостатки разработанной модификации.

Ключевые слова: гравиразведка, обратная задача, монтажный метод, эволюционная оптимизация.

Synthesis of the assembly approach and evolutionary optimization in solving the inverse problem of gravimetry

A. S. Dolgal (MI UB RAS), N. V. Ryzhov (PSU)

A method for solving the gravimetry inverse problem for a single isolated object using finite-element models is considered. The method is built upon an assembly approach, and incorporates an evolutionary optimization algorithm into the iterative process to optimally select the elements of the anomalous mass configuration. In this modification, the optimization algorithm can be considered as a smoothing regularizer that suppressing non-informative artifacts in the solution. The advantages and limitations of the proposed modification are discussed in comparison with the classical assembly approach.

Keywords: gravity method, inverse problem, assembly method, evolutionary optimization.

Введение

В работе рассматривается подход к решению плоской (двумерной) обратной задачи гравиметрии рудного типа (носителем масс является одиночный изолированный объект с известной эффективной плотностью σ^*) в классе конечноэлементных моделей: исследуемая область среды D представляется в виде регулярного замощения V , элементами V_j которого являются горизонтальные четырехугольные призмы бесконечного простираения. Основой рассматриваемого алгоритма является монтажный подход, предложенный в работах [1, 2] и развитый в [3]. Авторами предлагается модификация метода регулируемой направленной кристаллизации (РНК), включающая дополнительный этап в виде решения оптимизационной задачи, направленной на поиск оптимального множества элементов замощения для присоединения к ядру, на определенных этапах итерационного процесса. Рассматриваемая модификация позволяет улучшить содержательность получаемых решений обратной задачи и ускорить вычислительный процесс формирования множества допустимых решений.

Монтажный метод решения обратной задачи гравиметрии

РНК в классическом виде представляет собой итерационный процесс построения конфигурации Ω^* , составленной из элементов замощения V_j (рис. 1), с соблюдением определенных требований, основными из которых являются условия связности и односвязности носителя аномальных масс. Процесс строится от заданной начальной конфигурации Ω_0 , на каждой итерации $i = 1, \dots, n$, к ядру $Я(\Omega_{i-1})$ добавляется один из элементов оболочки $V_j^* \in O(\Omega_{i-1})$, примыкающий к границе $\Gamma(\Omega_{i-1})$, образуя новую конфигурацию Ω_i . Критерием выбора элемента V_j^* является минимум среднеквадратического отклонения наблюдаемого и теоретического полей, последнее рассчитывается по элементам $V_j^* \cup V_j \in Я(\Omega_{i-1})$. Итерационный процесс завершается при достижении условия $\sigma_i \leq \sigma^*$, где σ_i — локально-оптимальное значение эффективной плотности, минимизирующее расхождение наблюдаемого и теоретического полей на i -й итерации, σ^* — априорно заданная эффективная плотность исследуемого объекта.

РНК без ввода ограничений топологического характера на структуру конфигурации Ω имеет недостаток, связанный с формированием в ядре конфигурации малосодержательных фрагментов (отростков) — ветвящихся цепочек элементов замощения. Разработаны алгоритмы [3], позволяющие контролировать степень гладкости получаемого решения. Другая проблема связана с выбором присоединяемого на i -й итерации элемента замощения V_j^* : выбор конкретного элемента может быть

оптимален на данном шаге итерационного процесса, однако при рассмотрении решения задачи в целом этот выбор может оказаться неудачным. Представляет интерес рассмотрение нового варианта РНК с включением в структуру итерации дополнительной оптимизационной задачи, направленной на поиск оптимального подмножества элементов оболочки $V^* \subset O(\Omega_{i-1})$ (вместо единственного $V_j \in O(\Omega_{i-1})$) для присоединения к ядру $Я(\Omega_{i-1})$.

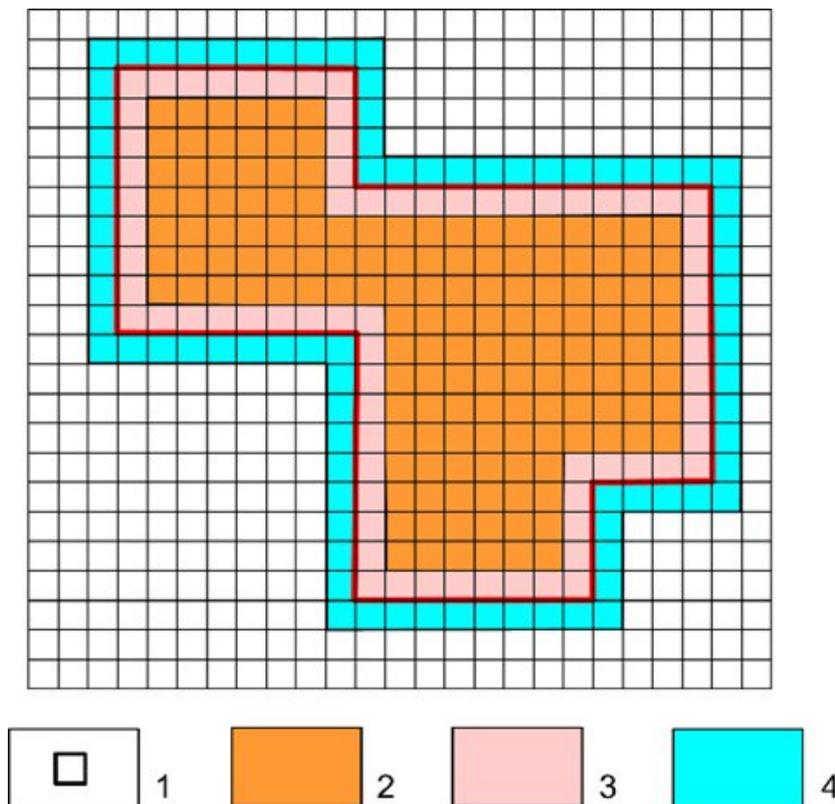


Рисунок 1. Конфигурация Ω : 1 — элемент замощения V_j ; 2 — элементы внутреннего ядра $Я(\Omega)$, 3 — элементы границы $\Gamma(\Omega)$, 4 — элементы оболочки $O(\Omega)$. Примечание: красная линия — контур конфигурации Ω

Модификация РНК с применением методов эволюционной оптимизации

Одним из вариантов решения вышеперечисленных проблем является использование методов целочисленного программирования. Множеству элементов оболочки $V_j \in O(\Omega_{i-1})$ можно поставить в соответствие вектор $x_i \in \{0,1\}^k$, $k = |O(\Omega_{i-1})|$, представляющий собой битовую маску и отвечающий за присоединение соответствующего элемента оболочки к ядру $Я(\Omega_{i-1})$ на i -й итерации. Таким образом, задача поиска оптимального подмножества $V^* \subset O(\Omega_{i-1})$ сводится к задаче нахождения битовой маски $x = \operatorname{argmin}_{x \in \{0,1\}^k} F(x)$, где $F(x)$ — функционал невязки, с последующим

определением $V^* = \{V_i: x_i = 1\}$, $i = 1, \dots, k$. Для решения данной задачи используются алгоритм бинарной дифференциальной эволюции (Binary Differential Evolution, BDE) [4] и бинарный генетический алгоритм (Binary Genetic Algorithm, BGA) [5].

Алгоритмы BDE и BGA относятся к классу эволюционных стохастических методов многомерной оптимизации. Начальным этапом этих алгоритмов является формирование множества, или популяции, случайных векторов-решений (особей) $x_1^0, \dots, x_K^0 \in \{0, 1\}^N$, где K — размер популяции, N — размерность задачи. Далее в ходе итерационного процесса происходит изменение состояния исходных векторов с использованием специальных операций мутации, кроссовера и отбора. Результатом работы алгоритма является вектор, обеспечивающий минимум невязки $F(x)$. Алгоритмы BDE и BGA имеют два общих гиперпараметра $C \in [0, 1]$ и $F \in [0, 1]$, регулирующих вероятность возникновения кроссовера и мутации соответственно. Помимо этого, алгоритм BGA имеет еще два дополнительных гиперпараметра: C_p — количество точек скрещивания и N_t — размер турнирной группы. Для дальнейших расчетов определены оптимальные значения гиперпараметров для поставленной задачи: $C = 0.4$ и $F = 0.025$ для метода BDE, $C = 0.2$, $F = 0.043$, $C_p = 4$ и $N_t = 5$ для метода BGA. Размер популяции для каждого алгоритма $K = 20$, а максимальное количество итераций задано равным 100.

Синтетический пример

На рисунке 2 представлены две модели источников поля с постоянной эффективной плотностью $\sigma^* = 0.3$ г/см³. На профиле длиной 10 км регулярно расположены точки наблюдения с шагом $\Delta x = 0.2$ км, для которых рассчитаны значения поля Δg_i . Поле Δg дополнительно осложнено нормальной помехой, среднеквадратическое значение которой составляет приблизительно 4 % и 3 % от максимальной амплитуды аномалии для первой и второй модели соответственно. Для каждого примера заданы ограничения на область поискового пространства D : $0 < D_x < 10$, $0 < D_z < 4$, а размер элемента замощения V_j квадратного сечения задан равным 0.1 км. Примеры частных решений обратной задачи с использованием модифицированного алгоритма представлены на рисунках 3 и 4. Отметим, что все решения характеризуются значениями невязки $F(x)$, которые сопоставимы с уровнем помех в наблюдениях.

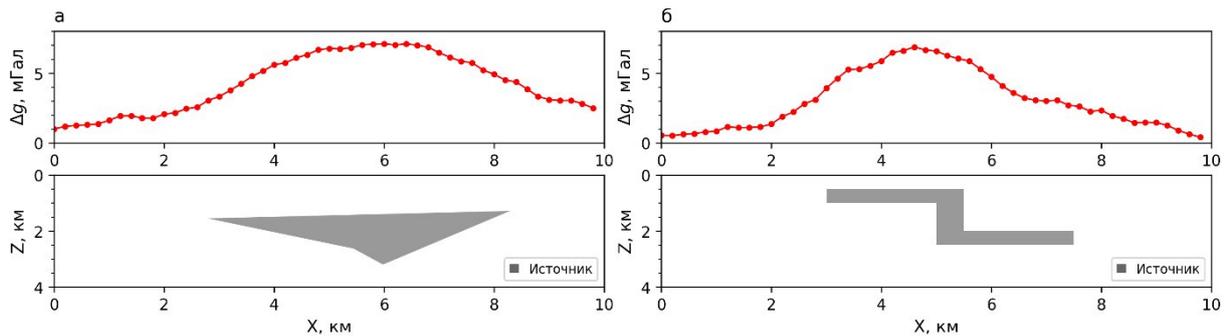


Рисунок 2. Модели № 1 (а) и № 2 (б) источников поля (снизу); отвечающие им гравитационные аномалии Δg , осложненные помехами (сверху)

На рисунках 3а, 4а представлен результат решения обратной задачи монтажным подходом в чистом виде без контроля гладкости границ конфигурации Ω , вследствие чего в структуре Ω^* присутствуют отростки. Решения, представленные на рисунках 3б, 3в, 3г, 4б, 4в, 4г, получены с использованием вышеописанной процедуры оптимизации. По результатам вычислительных экспериментов установлено, что присоединение подмножества элементов $V^* \subset O(\Omega_{i-1})$, найденных в результате оптимизации, вместо единичных элементов $V_j \in O(\Omega_{i-1})$ к ядру $Y(\Omega_{i-1})$ на начальных итерациях или при малой мощности множества $O(\Omega_{i-1})$ приводит к преждевременному завершению итерационного процесса в результате «выхода» эффективной плотности тела на целевое значение σ^* , что связано с избыточным сглаживанием границ конфигурации Ω . В этой связи принято решение включать процедуру оптимизации для определения V^* не на каждой итерации (что также не выгодно с точки зрения времени вычислений), а лишь при выполнении условия $|O(\Omega_{i-1})| \geq m$, где m — целое число, задаваемое интерпретатором с учетом размеров элементов замощения V_j и представлений о структуре или гладкости искомого решения. Решения на рисунках 3б, 3в, 3г и на рисунках 4б, 4в, 4г получены при значении $m = 30, 60$ и 90 соответственно. Можно заметить, что степень гладкости границ Ω^* зависит от параметра m : при небольших значениях m структура Ω^* характеризуется чрезмерной гладкостью, а при высоких значениях m наблюдается формирование структурных фрагментов типа отростков. Поэтому для выбора оптимального значения параметра m необходимо рассмотрение отдельных решений, полученных без включения оптимизационной процедуры в итерационный процесс.

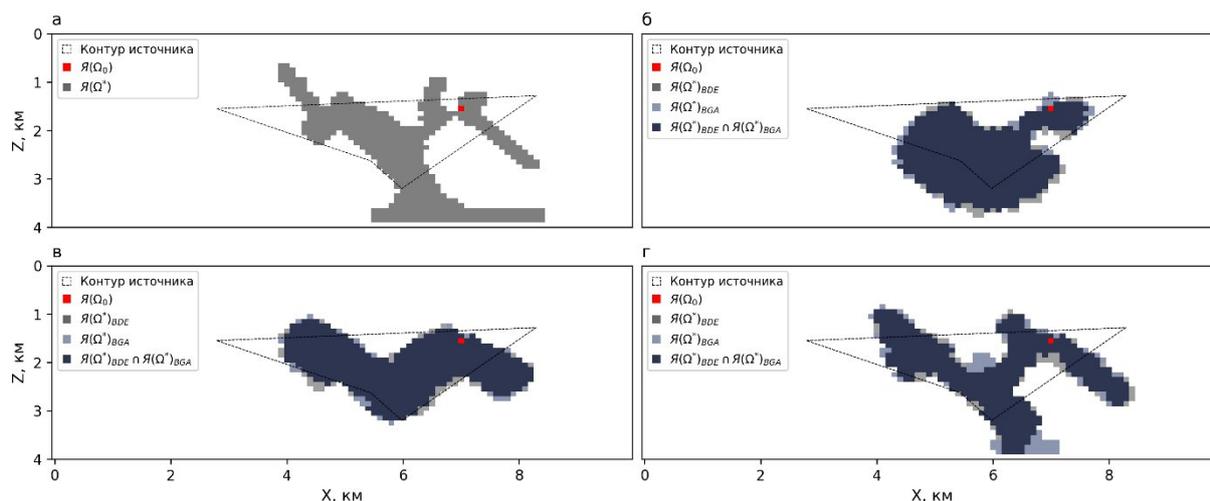


Рисунок 3. Частные решения обратной задачи, полученные для модели № 1: классический алгоритм РНК без контроля длины отростков (а); РНК с использованием эволюционных алгоритмов и параметром m , равным 30 (б), 60 (в), 90 (г)

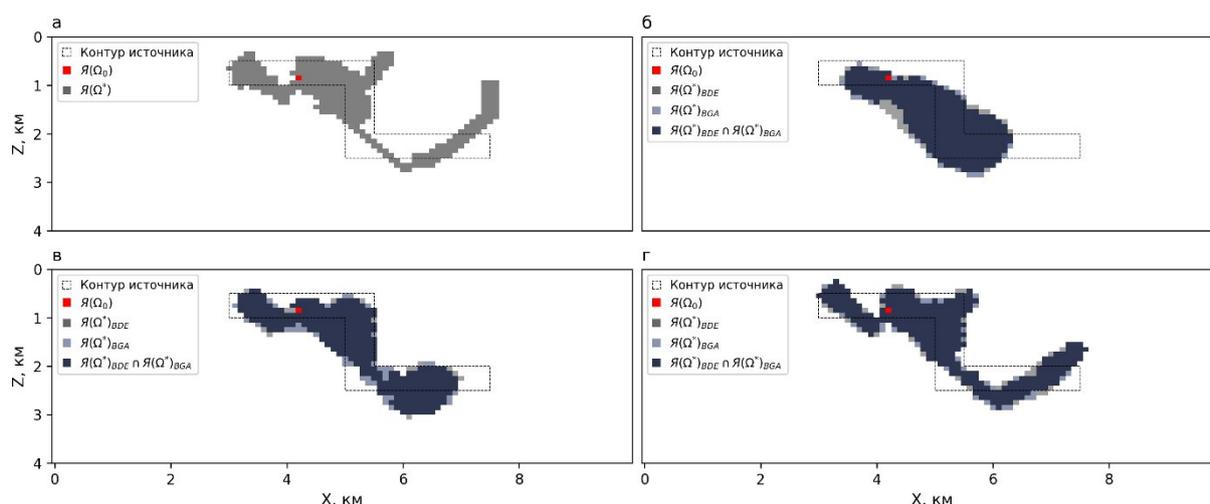


Рисунок 4. Частные решения обратной задачи, полученные для модели № 2: классический алгоритм РНК без контроля длины отростков (а); РНК с использованием эволюционных алгоритмов и параметром m , равным 30 (б), 60 (в), 90 (г)

Для оценки качества полученных решений обратной задачи рассчитан коэффициент Танимото $\Phi(S_1, S_2)$, отражающий меру сходства двух множеств S_1 и S_2 и определяемый как $\Phi(S_1, S_2) = \frac{c}{a+b-c}$, где $c = |S_1 \cap S_2|$, $a = |S_1|$, $b = |S_2|$, S_1 — множество элементов $Я(\Omega^*)$, определенных в процессе решения обратной задачи, S_2 — множество элементов замощения V_j , принадлежащих истинному объекту.

На рисунке 5 представлены графики зависимости коэффициента Танимото от параметра m конечных решений Ω^* для каждой модели с использованием рассматриваемых методов BDE и BGA. Как видно, при

запуске оптимизационной процедуры при малой мощности множества элементов ядра конфигурации коэффициент Танимото результирующих решений имеет относительно низкие значения, что соответствует малой степени соответствия полученных решений истинной модели. То же самое наблюдается с противоположной стороны: при высоких значениях параметра m получаемые решения полностью совпадают с конфигурацией, полученной без оптимизационной процедуры, т. е. классическим методом РНК.

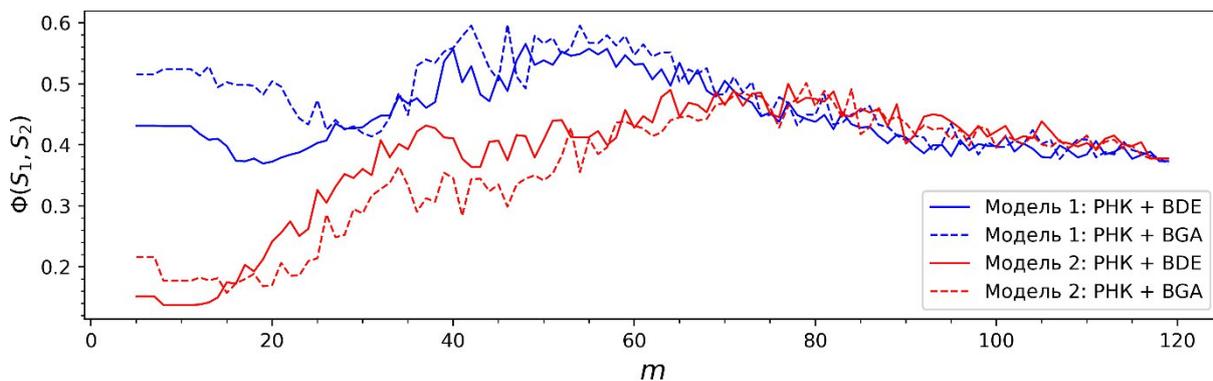


Рисунок 5. Зависимость коэффициента Танимото $\Phi(S_1, S_2)$ от параметра m

Анализ множества допустимых вариантов решения обратной задачи

Построим множество Q_0 допустимых вариантов решения обратной задачи $\Omega_k^* \in Q_0$ и исследуем структуру полученного множества путем вычисления значений функции локализации $\lambda(V_j)$ [6] на элементах замощения V_j . Функция $\lambda(V_j)$ характеризует вероятность обнаружения возмущающих масс в отдельной области V_j изучаемого пространства D . Функция $\lambda(V_j)$ рассчитана для каждого модельного примера (рис. 2) в трех вариантах: по множеству решений обратной задачи, полученных 1) без включения в итерационный процесс процедуры оптимизации, 2) с включением в итерационный процесс алгоритма BDE с параметром $m = 60$ и 3) с включением в итерационный процесс алгоритма BGA с параметром $m = 60$. Для формирования множества решений $\Omega_k^* \in Q_0$ использовалась регулярная сетка, элементы которой выступали в качестве центров кристаллизации $Я(\Omega_{k0})$, т. е. начальных приближений. Полученные распределения $\lambda(V_j)$ представлены на рисунке 6. Как для первой, так и для второй модели распределение функции $\lambda(V_j)$, построенной по результатам решения обратной задачи с использованием модифицированного алгоритма, в большей мере соответствует геометрии источника аномального поля. Без включения в итерационный процесс оптимизационного алгоритма в структуре множества Q_0 проявляются достаточно «резкие» фрагменты, вносящие существенные искажения в

общую картину. Можно заметить, что общий вид $\lambda(V_j)$ как для первой, так и для второй модели при использовании не модифицированного монтажного подхода во многом соответствует конфигурации Ω^* единичного решения (рис. 3а, 4а).

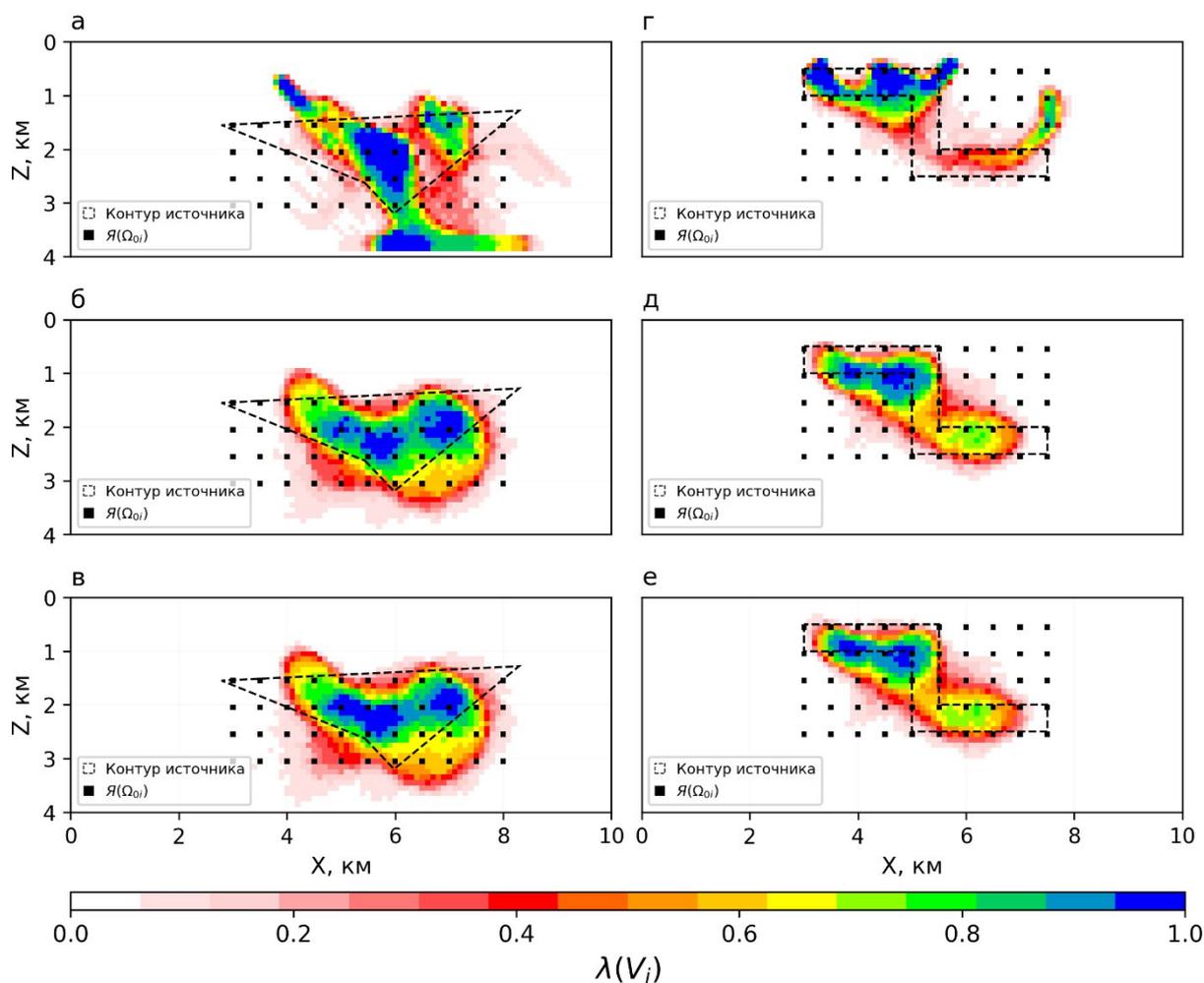


Рисунок 6. Функция локализации $\lambda(V_j)$, построенная на основе множества решений обратной задачи по полю Δg модели № 1 (слева) и по полю Δg модели № 2 (справа), полученных классическим алгоритмом РНК (а, г); модифицированным алгоритмом РНК + BDE (б, д); модифицированным алгоритмом РНК + BGA (в, е)

На рисунке 7 представлено распределение коэффициента Танимото по множеству допустимых вариантов решения обратной задачи $\Omega_k^* \in Q_0$: слева для модели № 1, справа для модели № 2. В целом видно, что решения, полученные модифицированным алгоритмом, обладают большим сходством с моделью источника аномального поля.

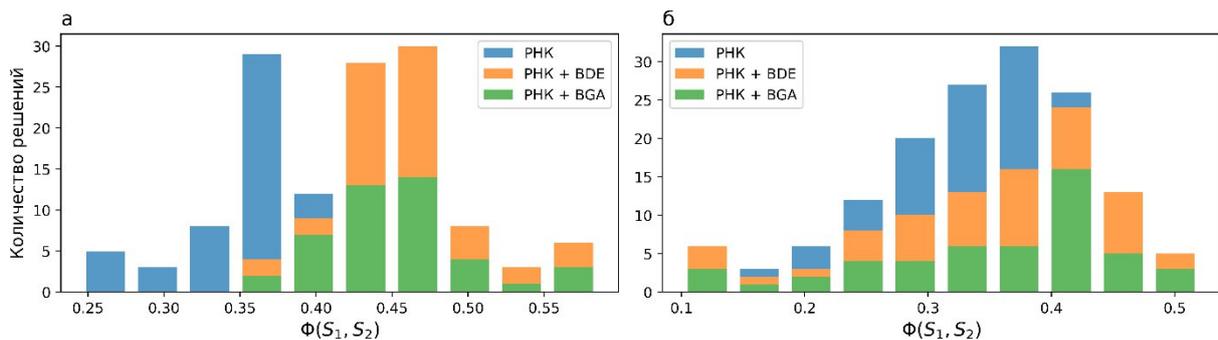


Рисунок 7. Распределение коэффициента Танимото по множеству допустимых решений обратной задачи по полю Δg модели № 1 (а) и по полю Δg модели № 2 (б)

Выводы

Таким образом, включаемый как дополнительный этап к основному методу, алгоритм оптимизации (поиска подмножества $V^* \subset O(\Omega_{i-1})$) выступает в роли регуляризатора, обеспечивая баланс между наблюдениями и представлениями о структурных особенностях изучаемого объекта, и может применяться в качестве альтернативного способа контроля гладкости границ конфигурации Ω . Основным, на наш взгляд, недостатком предложенного подхода является необходимость определения оптимального значения параметра m , который может резко меняться в зависимости от предполагаемой структуры источника поля и от особенностей используемого замощения. Представляет интерес рассмотрение иных методов оптимизации, помимо рассмотренных алгоритмов BDE и BGA, для решения задачи нахождения подмножества $V^* \subset O(\Omega_{i-1})$. Также нужно заметить, что применение данного и ему подобных алгоритмов вполне можно расширить на решение обратных задач для набора аномалиеобразующих тел. Для это следует использовать понятие общей границы и общей оболочки для нескольких моделируемых конфигураций [3]. В целом синтез монтажного подхода и методов эволюционной оптимизации представляется весьма перспективным направлением дальнейших исследований.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках государственного задания (рег. номер НИОКТР: 126012716041-5).

Список литературы

1. Страхов В. Н. Монтажный метод решения обратной задачи гравиметрии / Страхов В. Н., Лапина М. И. // Доклады Академии Наук. — 1976. — Т. 227. — № 2. — С. 344–347.
2. Овчаренко А. В. Подбор сечения двухмерного тела по гравитационному полю / Овчаренко А. В. // Вопросы нефтяной и рудной геофизики. — Алма-Ата: Изд-во Казахского политехнического ин-та, 1975. — С. 71–75.
3. Балк П. И. Аддитивные технологии решения обратных задач гравиразведки и магниторазведки / Балк П. И., Долгаль А. С. — М.: Научный мир, 2020.
4. Doerr B. Working principles of binary differential evolution / Doerr B., Zheng W. // Theoretical Computer Science. — 2020. — Vol. 801. — Pp. 110–142. — <https://doi.org/10.1016/j.tcs.2019.08.025>.
5. Simon D. Evolutionary optimization algorithms / Simon D. — Hoboken: John Wiley & Sons, 2013.
6. Долгаль А. С. Повышение точности интерпретации моногеничных гравитационных аномалий / Долгаль А. С., Шархимуллин А. Ф. // Геоинформатика. — 2011. — № 4. — С. 49–56.

References

1. Strahov V. N. Montazhniy metod resheniya obratnoi zadachi gravimetrii [Assembly method for solving the inverse problem of gravimetry] / Strahov V. N., Lapina M. I // Doklady Akademii Nauk [Proceedings of the Academy of Sciences]. — 1976. — Vol. 227. — № 2. — Pp. 344–347 (in Russ.).
2. Ovcharenko A. V. Podbor secheniya dvuhmernogo tela po gravitacionnomu polyu [Selection of a cross-section of a two-dimensional body based on the gravitational field] / Ovcharenko A.V. // Voprosy neftyanoy i rudnoi geofiziki. — Izd-vo Kazahskogo politekhnicheskogo in-ta, Alma-Ata, 1975. — Pp. 71–75 (in Russ.).
3. Balk P. I. Additivnyye tekhnologii resheniya obratnykh zadach gravirazvedki i magnitorazvedki [Additive technologies for solving inverse problems of gravity and magnetic exploration] / Balk P. I., Dolgal A. S. — Nauchniy mir, Moscow, 2020 (in Russ.).
4. Doerr B. Working principles of binary differential evolution / Doerr B., Zheng W. // Theoretical Computer Science. — 2020. — Vol. 801. — Pp. 110–142. — <https://doi.org/10.1016/j.tcs.2019.08.025>.

5. Simon D. Evolutionary optimization algorithms / Simon D. — Hoboken: John Wiley & Sons, 2013.
6. Dolgal A. S. Povyshenie tochnosti interpretacii monogenichnyh gravitacionnyh anomalij [Improving the accuracy of interpretation of monogenic gravity anomalies] / Dolgal A. S., Sharhimullin A. F. // Geoinformatika [Geoinformatics]. — 2011. — № 4. — Pp. 49–56 (in Russ.).