

用遗传算法确定三维横向不均匀介质中的 近震震源位置^{*}

万永革

(国家地震局防灾技术高等专科学校, 北京东燕郊 101601)

李清河

(国家地震局兰州地震研究所, 兰州 730000)

李鸿吉 丁志峰

(国家地震局地球物理研究所, 北京 100081)

摘要 介绍了用遗传算法在三维横向不均匀介质中确定震源位置的研究思路并简述了三维横向不均匀介质中走时计算的基本原理. 在遗传算法的迭代过程中, 考虑到初始迭代阶段有较大的参数搜索空间而在最后迭代阶段有较小的参数空间, 提出了遗传算法中变异概率随迭代次数下降的函数形式并对其进行了分析. 结果表明, 随迭代次数指数下降的变异概率使得算法收敛加快, 而且反演得到的震源位置的各台站走时残差比原定震源位置的明显减小.

主题词: 地震定位 横向不均匀性 遗传算法 变异概率

1 引言

准确的震源位置是研究地震活动图象、地震与活动构造的关系以及工程地震等问题的基础. 可靠的地震定位需要区域内准确的速度模型和高效稳定的反演方法.

大多数定位算法基于盖革法, 此方法通过对起始假想震中的迭代微扰逐渐趋于最优解. 每一步迭代过程需要计算假想震源到台站的走时的偏导数^[1]. 这种方法在初始模型适当给定的情况下可以得到合理解. 但当约束不够严格时, 常需要某种形式的数值阻尼来避免不稳定性. 这种情况下得到的震源位置强烈依赖于阻尼的程度. 在三维横向不均匀介质中计算地震波走时的偏导数需要花费较大的代价. 另外, 定位问题的非线性常使解依赖于起算模型, 从而使得算法限于局部极值.

不依赖于求导信息的定位算法可以避免上述限制. Sambridge 等 (1986) 提出了这种算法. 他们通过分离时间和空间坐标运用一系列网格搜索可达到合理的效率. 然而, 对于许多问题进行可靠的解常需要大量的拟合差函数估计. 所以, 当计算三维横向不均匀介质中的走时时, 这种方法并不实用.

遗传算法是一种新型的完全非线性搜索方法, 近来在人工智能领域内得到广泛关注. 在地

* 本论文为硕士论文的一部分

收稿日期: 1996-06-02

第一作者简介: 万永革, 男, 1967 年 2 月生, 助教, 主要从事地壳结构和震源位置反演研究.

球物理学中已解决了许多复杂的最优化问题^[2~4]. 其主要优点是全局搜索, 不用求导数, 不依赖于初始模型的选取, 普遍适用于各种优化问题. 本文中, 我们描述了如何用遗传算法在三维横向不均匀介质中进行高效稳健的地震定位, 并对遗传算法的基本运行机制进行了修改以使得避免陷入局部极值的能力有所改善, 收敛的速度有所增加.

2 地震定位问题

假如在时刻 t_0 , 在 (x_0, y_0, z_0) 处发生了一次地震, 那么在台网中观测到的是一组到时. 用这些数据求地震的发震时刻和震源位置 (t_0, x_0, y_0, z_0) .

为了用台站位置为 (x_k, y_k, z_k) ($k = 1, 2, \dots, m$) 的一组到时 τ_k 作地震定位, 我们假定一地壳模型, 用它能计算出由位于 (X^*, Y^*, Z^*) 的尝试震源到上述台站的理论走时 T_k . 把一给定发震时刻和震源位置的尝试解看作四维欧几里德空间中的尝试矢量 χ^* :

$$\chi^* = (t^*, X^*, Y^*, Z^*) \tag{1}$$

由 χ^* 到第 k 台站的理论到时 t_k 是理论走时 T_k 与尝试发震时刻 t^* 之和, 即:

$$t_k(\chi^*) = T_k(\chi^*) + t^* \quad k = 1, 2, \dots, m \tag{2}$$

严格地说, T_k 不取决于 t^* , 但为了表示方便, 把 T_k 表示为 $t_k(\chi^*)$.

定义第 k 台站的到时残差 r_k 为观测到时与理论到时之差, 即:

$$r_k(\chi^*) = \tau_k - t_k(\chi^*) \quad k = 1, 2, \dots, m \tag{3}$$

我们的目的是调节尝试解矢量 χ^* , 使残差能在某种意义上减小到极小. 通常采用的是能使残差平方和减小到极小的最小二乘法.

拟合差函数用下式计算:

$$\Phi(m_k) = \sum_{i=1}^{sta} (obj_i - cal_i)^2 \tag{4}$$

式中 $\Phi(m_k)$ 为第 k 个假定震源位置(个体)的拟合差, sta 为总台站数, obj_i 为第 i 个台站的观测走时, cal_i 为由假定震源位置计算的第 i 个台站的计算走时.

3 地壳三维速度结构及地震波走时计算

因为我们研究的区域较小, 我们近似地将研究区域地表视为平面. 要求震源和台站以及地震射线均在研究区域内.

地震到达第 j 个台站的地震波走时可表示为:

$$t_j = \int_{\Gamma_j} S(X, Y, Z) d\Gamma \tag{5}$$

$S(x, y, z)$ 为 (x, y, z) 点的慢度, Γ_j 为第 j 条射线的路径.

3.1 速度结构模型

1976 年唐山地震以后, 人们加强了对华北地区深部构造的研究. 金安蜀等首先用分块模型的 ACH 方法反演了北京地区的三维速度结构, 他们得出了唐山地区速度低西北山区速度高的结论^[5]. 丁志峰等用 SIRT 方法反演了京津唐地区的速度结构, 他们将京津唐地区的地壳分为 1~10 km, 10~20 km 和 20~35 km 三层, 每层又为 13×13 的块体, 块体划分按构造线大致确定选用 x 和 y 方向的分割面, 且一直到莫霍面. 网格走向相对于经纬线右旋了 45° 与本地区的构造线一致. 他们得出的结果是: 在上地壳 (0~10 km), 速度变化不很明显 (图 1); 在中部地壳 (10~20 km), 呈现出平原地区速度低而高原地区速度高的趋势; 在下部地壳 (20~35

km), 介于唐山和北京之间有一明显的低速区, 其速度约为 5.5 km/s, 低速区的尺度约为 100 km^[9]. 我们采用丁志峰等人的反演结果和介质分块方法, 各块体的编码如图 2 所示.

我们求地震波走时的思路是: 首先平滑由震源和台站的坐标所确定的立方体的各层的慢度值, 即将三维不均匀的地壳模型转化为一维地壳模型, 按层状介质模型计算射线所经过的路径. 由于同一层中地震波慢度的差别不会太大, 我们可以近似用层状介质下的射线路径代替三维横向不均匀介质中地震波的路径, 按此路径计算走时.

3.2 从三维速度模型到层状介质模型的平滑

假设震源所在的块体为第 i_e 行第 j_e 列第 k_e 层块体, 台站所在块体为第 i_s 行第 j_s 列第 k_s 层, 则每一层的平均慢度由下式确定:

$$S_k = \sum_{i=i_e}^{i=i_s} \sum_{j=j_e}^{j=j_s} \frac{S_{ijk}}{(i - i_e + 1)(j - j_s + 1)} \quad k = 1, 2, \dots, n \quad (6)$$

其中 S_k 为第 k 层的平均慢度, S_{ijk} 为第 i 行第 j 列第 k 层块体的慢度.

3.3 层状介质模型中的射线路径

对于直达波需先求出射线与向上方向的夹角 Φ , 我们采用试射法, 程序流程如图 3 所示.

设震源所在层为第 k 层, 射线方向与向上方向的夹角为 θ , 震源与第 k 层顶部的距离为 ζ , 则出射点与震源的水平距离由下式计算:

$$d = (\zeta + z_n) \tan \theta \quad \text{当 } k = 1 \text{ 时} \quad (7)$$

$$d = \frac{(h_1 + z_n) S_k \sin \theta}{S_1 \sqrt{1 - \left(\frac{S_k \sin \theta}{S_1}\right)^2}} + \zeta \tan \theta \quad k = 2 \quad (8)$$

$$d = \sum_{i=k-1}^2 \frac{h_i S_k \sin \theta}{S_i \sqrt{1 - \left(\frac{S_k \sin \theta}{S_i}\right)^2}} + \zeta \tan \theta + \frac{(h_1 + z_n) S_k \sin \theta}{S_1 \sqrt{1 - \left(\frac{S_k \sin \theta}{S_1}\right)^2}} \quad k > 2 \quad (9)$$

式中 z_n 为台站的高程, S_i 为第 i 层的慢度值, h_i 为第 i 层的厚度.

折射波的路径计算较简单, 由于康氏面的折射波较难识别, 我们只考虑通过莫霍界面的折射波. 折射波起始的射线方向与垂直向下的方向夹角 θ_k 可由 Snell 定律

$$S_1 \sin \theta_1 = S_2 \sin \theta_2 = \dots = S_i \sin \theta_i = \dots = S_{\text{moho}} \sin \left(\frac{\pi}{2}\right) = P \quad (10)$$

$$\text{求得, 即} \quad \theta_k = \arcsin \left(\frac{S_{\text{moho}}}{S_k} \right) \quad (11)$$

由此可知, 无论是直达波还是折射波, 其射线在各层中的路径均为直线. 我们可根据此直线路径计算每一层中的走时.

3.4 走时的计算

无论是对于直达波还是折射波, 均需根据出射角计算穿越每一层的走时. 对于直达波, 射线向上传播穿越各层到达台站; 对于折射波, 先向下传播穿越各层到达莫霍面, 然后沿莫霍面爬行, 最后向上传播到达台站. 下面就来讨论每一层中的地震波走时.

设在某一层中射线起始点的坐标为 (X_1, Y_1, Z_1) , 终点的坐标为 (X_2, Y_2, Z_2) . 首先, 确定起点和终点的块体编号, 设起点所在块体可由 i_1, j_1, k_1 表示, 终点所在块体可由 i_2, j_2, k_2 表示. 计算由 (X_1, Y_1, Z_1) 到 (X_2, Y_2, Z_2) 的方向矢量:

$$\mathbf{X} = \frac{X_2 - X_1}{\sqrt{(X_2 - X_1)^2 + (Y_2 - Y_1)^2 + (Z_2 - Z_1)^2}} \quad (12)$$

$$Y = \frac{Y_2 - Y_1}{\sqrt{(X_2 - X_1)^2 + (Y_2 - Y_1)^2 + (Z_2 - Z_1)^2}}$$

(13)

分隔 x 方向的分界面(平行于 y 轴)到震源的距离所对应的射线长度为:

$$rX_i = \frac{bX_i - X_1}{X} \quad i = i_1, i_1 + 1, \cdots, i_2$$

(14)

bX_i 为第 i 个分界面的 x 坐标, rX_i 为射线到达平行于 y 轴的第 i 个分界面的射线长度.

分隔 y 方向的分界面(平行于 x 轴)到震源的距离所对应的射线长度为:

$$rY_j = \frac{bY_j - Y_1}{Y} \quad j = j_1, j_1 + 1, \cdots, j_2$$

(15)

bY_j 为第 j 个分界面的 y 坐标, rX_j 为射线到达平行于 x 轴的第 j 个分界面的射线长度.

知道了各分界面到震源的距离所对应的射线长度, 不难求出由分界面所确定的块体中的射线长度. 射线长度乘该块体的慢度值即为该块体中的走时. 将该层中各块体内的走时累加, 即得到地震波在这一层中的走时.

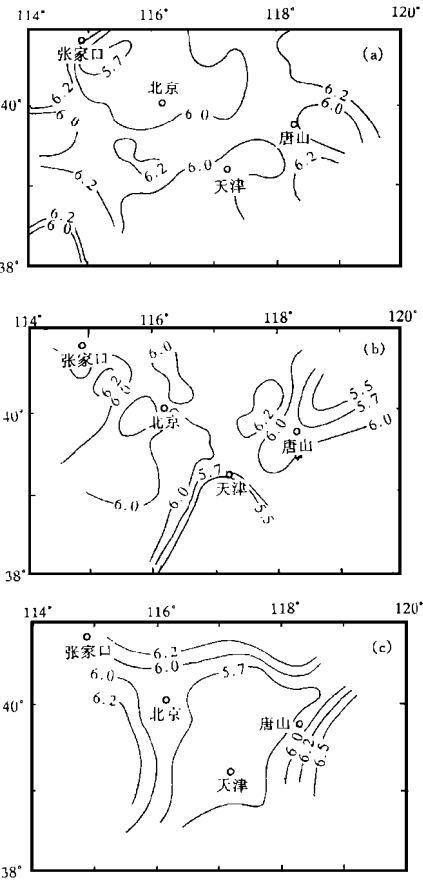


图 1 志峰等(1994)反演的地壳速度结构

Fig. 1 The crustal velocity structure inverted by Ding Zhifeng et al. in 1994.

(a) 上地壳; (b) 中地壳; (c) 下地壳

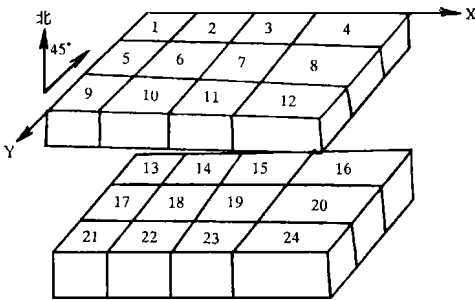


图 2 网格划分及块体编码

Fig. 2 The division and number of grids.

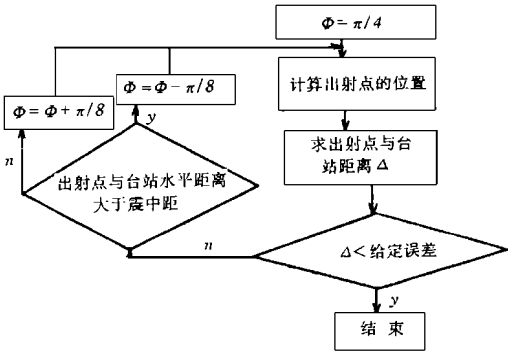


图 3 求直达波射线方向与向上方向夹角 Φ 的程序流程

Fig. 3 Flow chart for evaluating the included angle Φ of direct waves' ray direction with upward direction.

4 遗传算法在三维介质中的定位过程

4.1 资料选取

遗传算法反演地球物理参数与正演问题形式和拟合函数形式无关, 因此可以在定位中选择合适的地壳速度模型和射线追踪方式. 我们随机选取了发生在北京石景山西南的一地震事件,《华北遥测台网联网地震观测报告》(以下称观测报告)中给出的发震时刻为 1994 年 9 月 21 日 21 时 57 分 16.1 秒, 震级为 $M_L=1.8$, $M_n=2.0$. 一般情况下, 震源位置参数的合理边界由到时序列确定^[7~8], 因为遗传算法可高效搜索较大的参数空间, 我们可选择较大的限制边界且可划分较小的搜索间隔, 参数范围及网格间隔的选取见表 1. 采用线性生存概率($Q=32$)数值编码形式. 程序的最大迭代次数为 50 次. $P_c=0.9$, 此值是经过多次试验选择的, 可快速交换不同个体的信息.

4.2 常规遗传算法确定震中的收敛过程

遗传算法的基本原理已有很多文献详述^[9~11]. 常规遗传算法确定震源位置的收敛情况在图 4 中给出, 图 4(a)给出了最小拟合差随迭代次数的变化, 图 4(b)给出了平均拟合差随迭代次数的变化, 平均拟合差曲线反映了算法更稳健的特征. 图 4(a)中, Monte Carlo 方法迭代 50 次得到的模型比常规遗传算法的任何情况得到的模型的拟合差都大, 图 4(b)中, Monte Carlo 拟合差在一常值附近起伏, 而其它平均拟合差或多或少地减少了; $P_m=0.1$ 的最小拟合差的收敛曲线较好, 但其平均拟合差的收敛曲线却比 Monte Carlo 方法好不了多少. 由此可以看出在 Monte Carlo 方法基础上, 对纯随机过程的改善程度. $P_m=0.001$ 的最小拟合差收敛曲线中拟合差下降较平稳, 但只迭代了三十多次后所有的模型就相同了, 即出现了早熟 (premature conver-

表 1 运用遗传算法进行地震定位所用的参数搜索范围及分段情况

参数	范围	分段	每段间隔
东经	$115^{\circ} \sim 117^{\circ}$	2^8	0.007843°
北纬	$39^{\circ} \sim 41^{\circ}$	2^8	0.007843°
深度	$5 \sim 20$ km	2^7	0.118110 km
时间	$-5 \sim 5$ s	2^8	0.039216 s

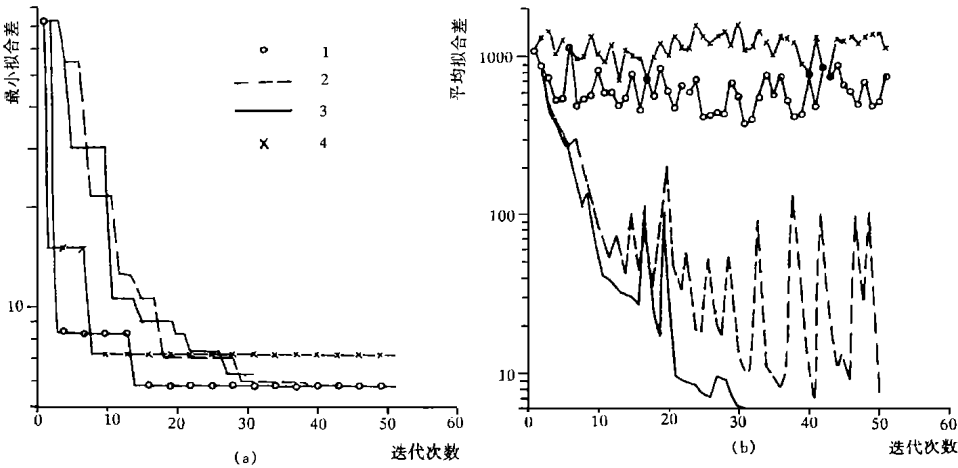


图 4 算得的最小拟合差(a)和平均拟合差(b)随迭代次数的变化(纵坐标为对数坐标)

Fig. 4 Variation curves of minimum fitting difference (a) and average fitting difference (b) with times of iteration.

- 1 固定变异概率 0.1 的遗传算法; 2 固定变异概率 0.01 的遗传算法;
- 3 固定变异概率 0.001 的遗传算法; 4 Monte Carlo 方法

gence). 在 $P_m=0.01$ 的情况下, 无论对于平均拟合差还是最小拟合差都收敛得较好. 但如何找到这样一个合适值是有待解决的问题.

4.3 对遗传算法变异概率的改进

由上面的分析可以看出, 遗传算法的变异概率是改善遗传算法收敛情况的一个重要因素. 由于变异只是遗传算法收敛过程中的一个小扰动, Sambridge 等(1993)提出了在基因的各个位分配不同的变异概率, 高位码的变化导致较大的参数变化, 应分配较小的变异概率, 低位码则应分配较大的变异概率. 他们分别采用的随染色体编码位线性变化和指数变化两种情况对遗传算法收敛的改善结果是令人信服的.

我们考虑到在遗传算法的初始阶段应在较大参数空间内搜索, 因此可给以较大的变异概率, 而在遗传算法的最后阶段已找到全局较优解, 应该作的只是在较优解附近小范围内搜索找到全局最优解, 因此应给以较小的变异概率. 基于这个思路, 我们给出了按迭代次数线性下降的变异概率, 并在图 5 中给出了最小拟合差和平均拟合差随迭代次数的变化. 迭代 50 次后, 根据随迭代次数线性变化的变异概率得到的最小拟合差为 5.81172, 而根据随二进制编码位线性变化的变异概率得到的最小拟合差为 5.81192. 从图中可以看出, 根据随迭代次数线性变化的变异概率所得到的最小拟合差下降曲线比 Sambridge 等人采用按码位线性变化变异概率所得到的更平稳. 最后得到的模型稍好于按码位线性变化的变异概率所得到的模型.

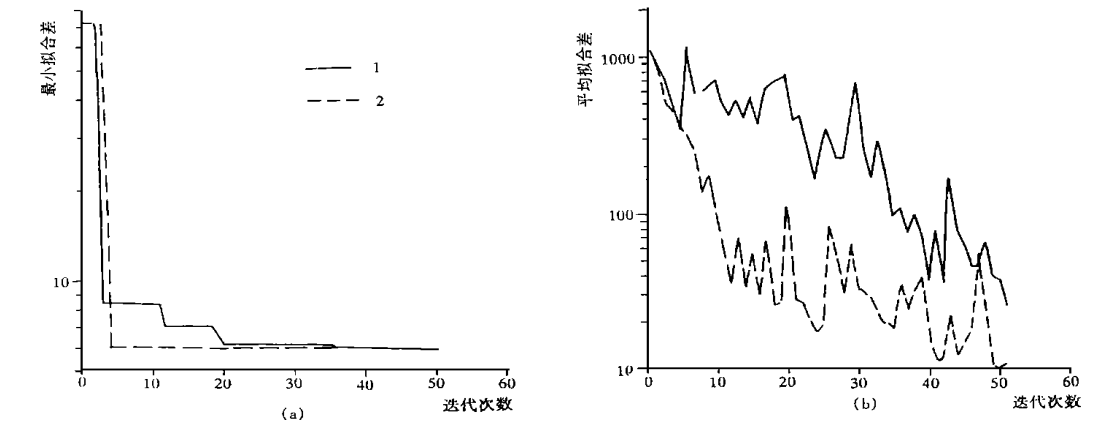


图 5 最小拟合差(a)和平均拟合差(b)随迭代次数的变化(纵坐标为对数坐标)

Fig. 5 Changes of minimum fitting difference (a) and mean fitting difference (b) with times of iteration.

- 1 变异概率随迭代次数线性变化由 0.1 降为 0.01 的迭代过程;
- 2 变异概率随染色体编码位线性变化由 0.1 降为 0.001 的迭代过程

线性变化的变异概率拟合差收敛较为平稳. 我们已经讨论过这种方法与常规遗传算法收敛情况的比较^[11], 对这种方法的改进就是增加初始阶段的变异概率. 基于这种考虑, 我们采用随迭代次数指数变化的变异概率, 最小拟合差和平均拟合差的收敛情况见图 6. 可见, 最小拟合差在开始阶段和后面的阶段得到的最优解都比 Sambridge 等人采用按码拉指数变化变异概率有所改善. 平均拟合差在初始阶段的下降不如按码位指数变化变异概率, 但在最后阶段比按码位指数变化变异概率的收敛情况要好, 迭代 50 次后, 按码位指数变化的变异概率得到的最小拟合差为 5.92312, 按迭代次数指数变化的变异概率得到的最小拟合差为 5.78811.

4.4 计算结果及拟合差的空间分布

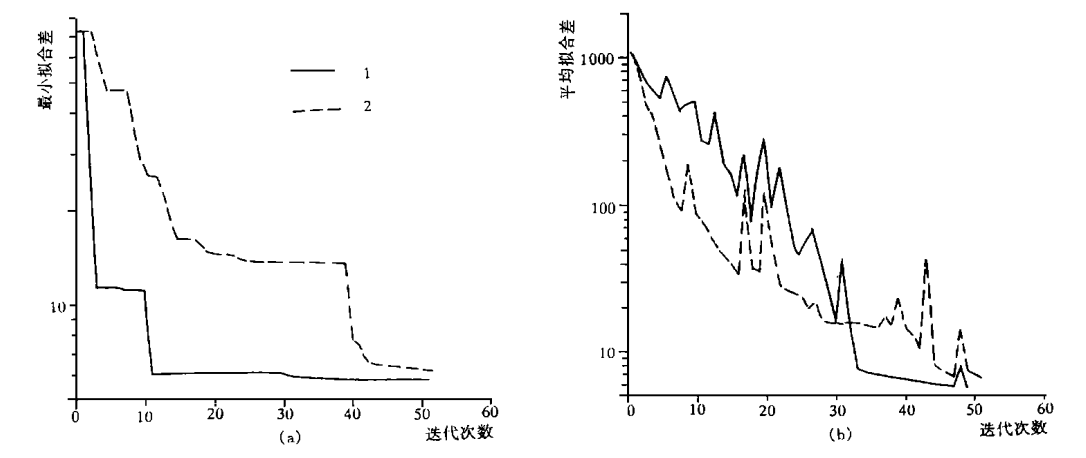


图 6 最小拟合差(a)和平均拟合差(b)随迭代次数的变化(纵坐标为对数坐标)

Fig. 6 Change curves of minimum fitting difference (a) and average fitting difference (b) with times of iteration.

1 变异概率随迭代次数指数变化由 0.1 降为 0.001 的迭代过程;

2 变异概率随染色体编码位指数变化由 0.1 降为 0.001 的迭代过程

我们用随迭代次数指数变化的变异概率计算了上述震例,在 586/75 微机上的总计算时间为 22.46s,迭代过程仅用了 6.97s,与观测报告的比较列在表 2 中.

表 2 运用遗传算法所得结果与观测报告所列结果的比较

分项	东经	北纬	深度(km)	发震时刻	平均残差	标准残差	拟合差
观测报告	116.100°	39.870°	7.00	57min16.1000s	0.7693	0.4203	9.22255
遗传算法	116.112°	39.875°	12.68	57min13.2549s	0.5587	0.4126	5.78811
差值	0.012°	0.005°	5.68	-2.8451s	-0.2106	-0.0077	-3.43444

表中的平均残差的计算公式为:

$$\eta = \sum_{i=1}^{sta} \frac{obs_i - cal_i}{sta} \tag{16}$$

:

$$\sigma = \sqrt{\sum_{i=1}^{sta} \left(\frac{obs_i - cal_i}{sta} - \eta \right)^2} \tag{17}$$

, obs_i 为第 i 个台站的观测走时, cal_i 为第 i 个台站的计算走时, sta 为总的台站数,

(4) .

2 可以看出, , .

5

, Monte Carlo 方法收敛得更快.

Sambridge 等人提出的按码位线性变化和指数变化的变异概率的基础上引入了按迭代次数线性变化和指数变化的变异概率,

,

,

1 . : , 1988.

2 Sambridge M S, Drijkoningen G G. Genetic algorithms in seismic waveform inversion. *Geophys. J. Int.*, 1992, 109: 323 ~ 342.

3 . , 1992, 35(): 367 ~ 371.

4 , . , 1995, 38(2): 189 ~ 198.

5 , , P 波速度结构. , 1980, 23: 172 ~ 182.

6 , . , 1994, 12(2): 14 ~ 20.

7 Anderson K R. Epicentral location using arrival time order. *Bull. Seism. Soc. Am.*, 1981, 171: 541 ~ 545.

8 Sambridge M S, Kennett B L N. A novel method of hypocentre location. *Geophys. J. R. Astr. Soc.*, 1986 87: 679 ~ 697.

9 Sambridge M S, Gallagher K L. Earthquake hypocentre location using genetic algorithms. *Bull. Seis. Soc. Am*, 1993, 83(5): 1467 ~ 1491.

10 , . , 1995, 16(6): 1 ~ 7.

11 , . , 1996, 17(3): 57 ~ 66.

12 Kennett B L N, Sambridge M S. Earthquake location—genetic algorithms for teleseisms. *Phys. Earth and Planet Int.*, 1992, 75: 103 ~ 110.

HYPOCENTRAL LOCATIONS OF THE NEAR EARTHQUAKES IN 3-D LATERAL HETEROGENEOUS MEDIUM DETERMINED BY USING THE GENETIC ALGORITHMS

WAN Yongge
(College of Disaster Prevevntion Technics, SSB)
LI Qinghe
(Earthquake Research Institute of Lanzhou, SSB)
LI Hongji DING Zhifeng
(Institute of Geophysics, SSB, Beijing 100081)

Abstract

The calculation of the travel time in 3-D velocity structure has been given in this paper. In the process of the genetic algorithms, considering large parameter space in the initial iterations and small parameter space in the final iterations, authors give mutation probability which is a large value in the initial iterations and small value in the final iterations. The formation of the mutation probability is linear and exponential with iteration. It is found that the exponential function is a more effective method. Using the exponentially reduced mutation probability, the hypocenter is obtained through genetic algorithms. The residual of the hypocenter is very small.

Key words: Seismic location, Lateral heterogeneity, Genetic algorithm, Mutation probability