

### 第三章 佈井模式之定義與演算流程

#### 3.1 模式定義

本研究係利用因子克利金法推估目標區域格網點上的變異數，為了達到目標區域佈井最佳化，故將目標函數定義為目標區域上所有因子克利金變異數的總和為最小。本研究經合理簡化後，假設觀測井位置已知，因此目標函數可寫成：

目標函數：

$$\text{Min} \sum_{ls} \sum_{m \in M} \sigma_m^*(ls) \quad (3.1-1)$$

限制式：

$$ls \subset Sal \quad (3.1-2a)$$

$$N_{ls} \leq N_{\max} \quad (3.1-2b)$$

$$m \in M \quad (3.1-2c)$$



其中， $Sal$ ：表示所有可監測井位置之集合；

$ls$ ：某一個設井方案，為  $Sal$  之部份集合；

$N_{ls}$ ：某一個設井方案中監測井的數目；

$N_{\max}$ ：最大容許設井數；

$M$ ：推估變異數格網點的集合；

$m$ ：某一個推估變異數格網點，為  $M$  之元素；

$\sigma_m^*$ ：第  $m$  個格網點的因子克利金推估誤差。

在(3.1-1)式中，考量的決策變數只有觀測井數目。限制式(3.1-2a)，乃考慮實際狀況中，觀測點的位置因受用地取得及其他限制而必須在可設井的位置集合裡選取，而限制式(3.1-2b、3.1-2c)為從以設置站井位置中，挑選出合適的監測井，且監測井的數目有一定的上限。

## 3.2 分析流程

在進一步討論模式優選的內部機制前，本節先說明本研究之佈井模式的優選流程。下圖 3.2-1 為優選佈井模式的分析流程圖。

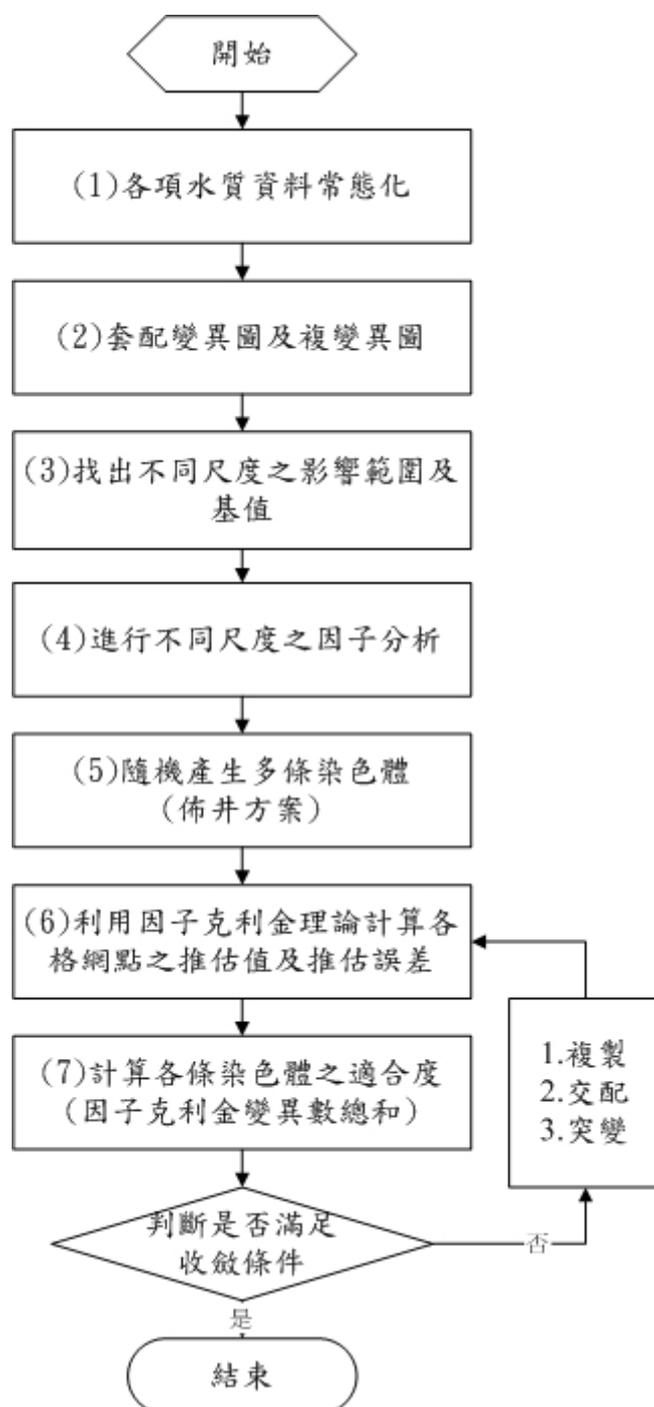


圖 3.2-1 結合因子克利金與遺傳演算之優選佈井模式流程圖

模式分析流程如下：

(1) 轉換各項水質項目為常態化變數

因為各項水質項目的單位都不盡相同，為了避免在分析水質參數的複半變異元時，兩個不一樣的水質項目單位不同，所以先進行常態化。

(2) 變異元分析

本步驟主要為套配常態化後之水質變數的變異圖(variogram)及複變異圖(cross-variogram)。首先針對所有水質變數之配對找出各自之半變異元及複半變異元模式。本研究以 VARIOWIN2.2 程式作為變異元分析之工具。

(3) 找出不同尺度之影響範圍及基值

由上述步驟(2)，可找出何種模式最常被使用，及其影響範圍為何，以此便可定出一組由不同空間尺度所組成之模式來套疊所有水質項目配對的半變異元模式及複半變異元模式。

假設下圖 3.2-2 為某兩個常態化變數之複變異圖，其模式由金塊效應(圖 3.2-3)及兩個指數模式(圖 3.2-4 及圖 3.2-5)三個結構所組成，其複變異元如下所示：

$$\gamma_{\alpha\beta}(h) = 0.29 + 0.19(1 - \exp(-3h/432)) + 0.31(1 - \exp(-3h/1200))$$

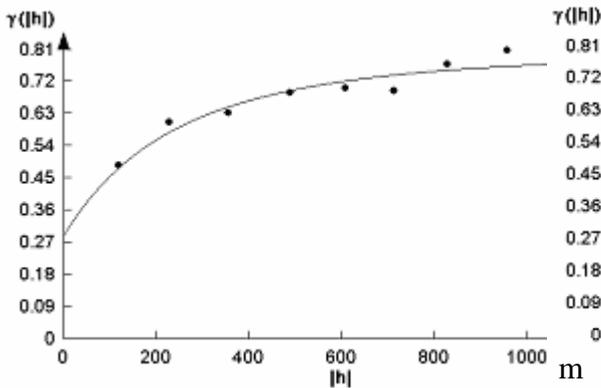


圖 3.2-2 變異元圖之示意圖

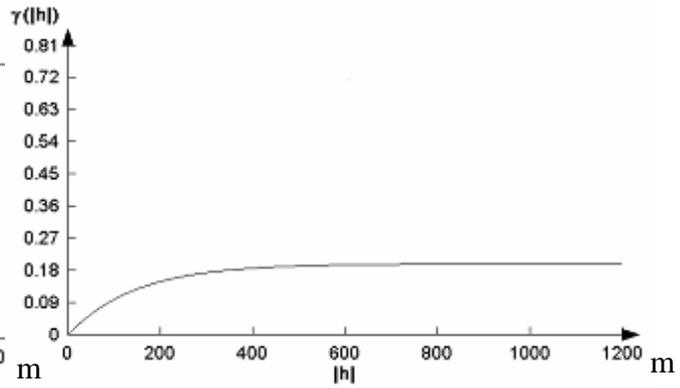


圖 3.2-4 指數模式一

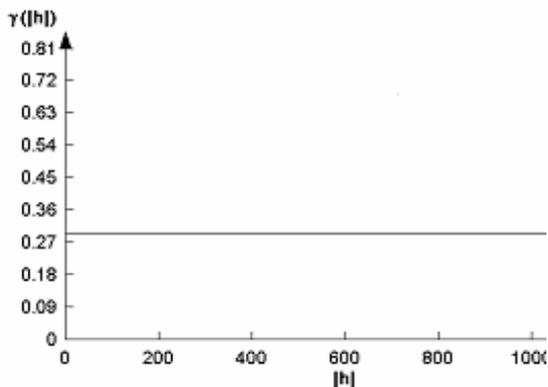


圖 3.2-3 金塊效應

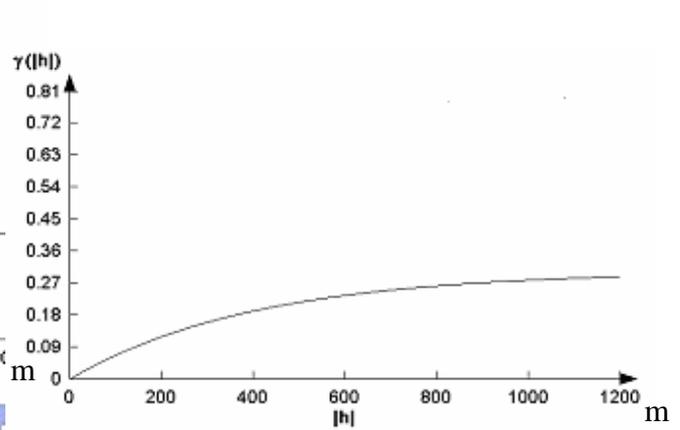


圖 3.2-5 指數模式二

結果顯示小尺度(Short range)之影響範圍為 432m，基值為 0.19；而大尺度(Long range)之影響範圍為 1200m，基值為 0.31。因需求出不同變數(即不同水質項目)配對之複變異元，因此步驟(2)與步驟(3)是分析流程中最費時之工作。

#### (4) 進行不同尺度之因子分析

上述步驟(2)與步驟(3)之分析，可得出不同變數(不同水質項目)配對之套疊模式，根據各個不同變數配對分析所得之係數  $b_{ij}''$ ，即可組合成不同空間尺度之共區域化矩陣，且此共區域化矩陣為一半正定矩陣。將不同空間尺度之共區域化矩陣視為共變異矩陣，進行不同尺度之因子分析

#### (5) 進入遺傳演算法

隨機產生起始族群，本研究設定每一代有 50 條染色體，每條染色體皆代表一種可能之井網佈置方案。每條染色體中，0 代表不監測

此位置的地下水井，1 代表監測此位置的地下水井

(6) 計算因子克利金之推估值與推估誤差

由各條染色體(佈井方案)所挑選出的監測井之水質資料，利用因子克利金法計算出格網點上，各點之因子克利金推估值與因子克利金推估誤差。

(7) 計算染色體之適合度

本研究之目的為達到區域佈井最佳化，故格網點上因子克利金變異數之總和必須為最小，而染色體之適合度亦以格網點上因子克利金變異數之總和表示之。

(8) 判斷此代染色體是否符合收斂條件

如果符合收斂條件則結束優選模式，如不滿足收斂條件則進入下步驟。本研究之收斂條件訂為至少繁衍 50 代且連續 15 代最佳適合度不變。

(9) 經過複製、交配、突變，產生下一代染色體並回到步驟(6)，直到達到收斂條件。

### 3.3 染色體之編碼及解碼方式

在規劃地下水觀測站時，係根據研究區域內可能設站位置分析、決定最佳設站位置。因此每個設站位置設站與否屬 0-1 問題（0；表該位置不設站；1 表該位置設置觀測井），如圖 3.3-1 所示。圖 3.3-1 係假設此研究區域共有 8 個可能設站位置，每個可能設站位置即代表一個基因，其值即可直接以 0 或 1 表示。因此，此一研究區域設站之可行解，即為 8 個 0 或 1 組成之字串，亦為一條染色體。同時每條染色體亦可輕易還原為可行解。因此可見遺傳演算法應用於地下水觀測站網規畫時，其染色體與可行解之轉換十分容易，無須複雜之編、解碼動作。

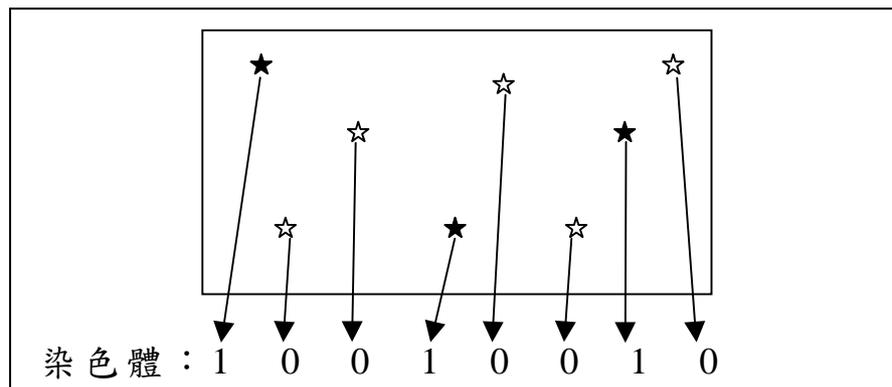


圖 3.3-1 設站方案對應之染色體編碼

### 3.4 染色體適合度之衡量方法

染色體之適合度代表其優劣程度，亦即其存活機率之高低，一般將其對應之可行解代回實際問題中，以求得目標函數表之。本研究以目標區域內所有格網點的因子克利金變異數之總和作為目標函數，亦以此值作為適合度衡量之方法。當因子克利金變異數的總和越小，代表越能掌握目標區域上的情況。

由理論上得知當監測井數越多，變異數降低量越大，但本研究為從已佈置的地下水井中，挑選某些地下水井監測地下水質，以掌握當地地下水質的狀況，所以監測站井的數目並非無限量的增加，必須考量合理的監測站井數。而且在遺傳演算法的過程中可能有一些染色體(站網方案)會不符所要求之監測站井數，在這種情況下，若是將這些染色體適合度一律設為零，很可能將較好的模版捨去，減少模板的多樣性或者僅有少數合乎要求的染色體進行演化。

因此，本研究採用懲罰函數方法(Penalty function method)作為適合度之修正，修正方式即將染色體之適合度乘上一個懲罰因子(Penalty factor)，修正原則為若選取的站網方案(染色體)中，其設置站數等於目標站數則不調整其適合度，若設置站數不等於目標站數則將適合度值乘上一權重改變其適合度。若增設站數與限制站數差值愈大則懲罰愈重。下面為本研究對適合度計算過程作說明。

每一條染色體之適合度值為( $F_i$ )

$$F_i = \begin{cases} \sum_{i=1}^n \sigma_{FK}^n & ,if N_k = N_0 \\ \sum_{i=1}^n \sigma_{FK}^n \times (|N_k - N_0| + 1) & ,if N_k \neq N_0 \end{cases}$$

其中， $n$  為計算格網點數；

$N_k$  為設置站數；

$N_0$  為目標站數。

適合度經懲罰函數修正過後，使違反限制之染色體於下一次繁衍中能夠保留較小的複製機率並非直接捨去不用。



### 3.5 遺傳演算法的收斂方式

在遺傳演算元中結束優選代數之決定方式一般有下列幾種方法：

- (1) 群集中之最佳解適合度與最差解適合度的差值小於設定值。
- (2) 當群集之平均適合度值不變。
- (3) 所有的個體均有相同之評分。
- (4) 固定繁衍代數。
- (5) 在連續某個代數中，最佳解的適合度不變。

本模式於實際應用時，設定至少繁衍 50 代，且連續 15 代最佳適合度不變。而為了避免在複製選取時，上一代最佳染色體被遺漏，沒有保留至子代中，因此增加了菁英策略，保留上一代中前面最佳的 3 條染色體，如此不僅能確保最好的基因不會被遺漏，亦能使每代的最佳解不會造成震盪的情形而延遲收斂。

