

遺傳演算法優選水庫運用規線之研究

A Study of Optimizing the Reservoir's Rule Curve Using Genetic Algorithms

國立臺灣大學農業工程學研究所博士

陳 莉

Li Chen

國立臺灣大學農業工程學系教授兼水工所主任

張斐章

Fi-John Chang

摘要

遺傳演算法是一種具平行演算結構的高效率搜尋方法，此法基於自然界物競天擇的理念，將搜尋點的自變數編碼成染色體，類比生物上的基因複製、交換與突變，可有效的選擇計算表現良好的點，而在每一代的繁衍中自動淘汰其他的點，達到最佳化的目標。最近則發展出實數的編碼，成功的改進了以往二位元編碼法需再解碼的不便，節省許多程式執行時間。本研究以物件導向之 C++ 語言設計了上述兩種不同編碼表示法的運算元，並以一多峰函數為最佳化程序的測試，結果證實以實數編碼法為最佳。

本研究以淡水河流域的石門水庫為對象，檢討及修正其 M-5 運用規線。首先分析其運用規則及年度運轉報告，明瞭其旬運轉操作的模式；再以物件導向 C++ 程式設計一套模擬上述操作的模式，利用 36 年歷史流量記錄，並以民國 83 年之需水情況下精確計算出下游各淨水廠與農業灌區的缺水指數；最後以遺傳演算法最佳化模式，快速而有效率的執行搜尋一組使缺水指數最少的運用規線。結果顯示遺傳演算法可有效、自主的獲致一組使目標函數達最佳的水庫操作規線。

關鍵詞：遺傳演算法，水庫運用規線，最佳化。

ABSTRACT

Based on the Darwinian natural selection, the genetic algorithm is a parallel and efficient search method. Its search space is first coded as chromosome. The basic three operators, i.e. gene reproduction, crossover and mutation, are then used to search the performance points. Each generation automatically eliminates those undesirable points for achieving the optimal goal. Recently, the real-coded method has been developed to improve the inconvenience of the binary-coded method in code converging process. This improvement saves much computer running time. The object oriented language C++ is used to implement the basic GA operators with different coded methods. A multi-peak function has been tested in the optimization processes. The results show that the real-coded method is better than the binary-coded method.

The M-5 rule curve, which was constructed in several decades ago, of Shi-Man Reservoir in Tan-Shui river basin is intended to be revised in this study. The operating rules and the annual operating reports are first analyzed for learning its habitual operating method precisely. The object oriented C++ language is then used to construct the simulation model. Water releasing is guided by the rule curve in this simulation model and the shortage index of the 1994 target year is calculated based on 36 years inflow record. The genetic optimization algorithm is applied for searching the rule curve with minimum shortage index. The results show that the GA method is capable of efficient and automatic obtaining the rule curve where the optimal objective function can be reached.

Keywords : Genetic algorithms, Reservoir's rule curve, Optimization.

一、前　　言

臺灣地區由於降雨在時間及空間之分配都極不均勻，降雨大多集中在5月至10月的梅雨及颱風期，由於山高河短、坡陡流急，大部分的逕流迅速入海，以致無法充分利用。在天然河川中可供引用的可靠水源加上水庫調蓄量，仍常常無法有效供應目前的總需水量，若逢久旱不雨，使水庫的蓄水降至嚴重下限甚至呆水位形成嚴重缺水。因應這種難題，除了增建水庫開發水源之外，宜設法研究如何改善現有水庫的營運方式以提高水資源利用效率。

現有水庫在操作上大多採用運轉規線的方式，所謂規線是將水庫蓄水容量分為數個區間，各區間的大小隨季節變化而有所不同，在操作規則中制定各時期於不同蓄水量所對應的放水原則，例如水位在規線的上限以上可儘量滿載發電，並於防洪期預留空間使水位保持在上限以下，位於上限與下限之間時只供應保證電力與合約放水量，低於下限則對標的量採取減供措施。這種規線在水庫設計規劃階段即利用歷史流量以模擬法求得，屬於一種長期水庫操作的規範，如何以系統方法擬定各水庫的理想規線，使操作達到最佳化原則，實為水資源合理運用重要的工作。

本研究首先設計一套模擬石門水庫旬操作的模式，包括水庫依照運用規線執行放水，與計算各淨水廠、農業灌區的缺水指數 (shortage index)，再以遺傳演算法 (genetic algorithms) 最佳化模式，將規線編碼成染色體 (chromosome)，應用複製 (reproduction)、交換 (crossover) 與突變 (mutation) 等

運算元自動進行繁衍，達到去蕪存精的優選目的，可有效率的搜尋缺水指數為最小的一組理想規線，以增進石門地區水資源的利用效率。

二、遺傳演算法

遺傳演算法 (genetic algorithms) 的觀念源自達爾文演化論中「物競天擇，適者生存」的道理，符合自然系統裡的調適與革新現象。這種學習系統是模擬群集遺傳 (population genetics) 與適應者生存的過程以增進其結果的表現 [DeJong, 1975; Grefenstette, 1985, 1987; Davis, 1987; Goldberg, 1989] 。

(一) 文獻回顧

John Holland 為遺傳演算法領域的創始人，在其論著「自然與人工系統的調適」(Adaptation in natural and Artificial Systems) [Holland, 1975] 中，提出字串結構有如動物族群一般的「演化」能力，即使在龐大而複雜的搜尋空間，遺傳演算法也能夠收斂逼近於整體最佳值 (global optimum) 。

Brindle 則分析了數個不同的選取親代的程序 [Brindle, 1981]，將輪盤法加以改進；Booker 比較了數種交換元 (crossover operator)，並對何者適用類問題加以描述 [Booker, 1982]；Foo 與 Bosworth 提出了五種不同的突變 (mutation) 運算元 [Foo & Bosworth, 1972]。在理論分析方面，最為人所注重的是 Holland 所提出的模版定理 (schema theorem) [Holland, 1975]，其推導的過程中說明了遺傳演算具有高效率的隱平行性 (implicit parallelism) 。

最近的研究著重於探討以實數 (real) 代替二位元 (binary) 的編碼方式 [Wright, 1991; Eshelman and

Schaffer, 1992]。在理論方面，朝向以馬可夫鏈 (Markov chain) 的觀點來解釋其最佳化的能力與過程 [Horn, 1993; Suzuki, 1993]。實際應用上更廣泛的包括與神經網路 (neural network) 結合 [Feldman, 1993; Gruau, 1993]，以及解決一些特殊的組合性最佳化的問題，例如排程 (scheduling) 問題 [Bruns, 1993]、旅行推銷員 (traveling salesman) 問題 [Homaifar et. al, 1993] 等，且在分類系統 (classifier System)[Guvenir and Sirin, 1993] 與控制系統 [Parodi and Bonelli, 1993] 方面扮演重要的角色，而在水文學的領域中也應用遺傳演算來優選模式中的參數 [Wang, 1991; 張斐章，陳莉，1993]。

(二) 基本架構

遺傳演算的步驟如下 [DeJong, 1993]：

- 1.隨機產生初始群集 $M(0)$ 。
- 2.計算並儲存目前的群集 $M(0)$ 中每一個體 (individual) m 的適合度 (fitness) $u(m)$ 。
- 3.定義 $M(t)$ 中每一個體 m 的選擇 (selection) 機率 $p(m)$ ，而 $p(m)$ 正比於 $u(m)$ 。
- 4.從 $M(t)$ 中選擇個體以複製子代。
- 5.使用繁衍運算元 (基因交換、突變) 產生群集 $M(t + 1)$ 。

基本的演算法中步驟 1 是簡單的隨機選擇初始的群集，步驟 2 至 5 是將群集一代繁衍一代下去，直到滿足收斂準則或事先訂定的繁衍代數為止。

遺傳演算法具有四項不同於傳統搜尋方法的優點，如下所述：

- 1.遺傳演算程式是針對編碼後的參數集合加以搜尋，而非針對參數本身。
- 2.遺傳演算程序搜尋的對象為點的群集，而非一次僅針對一點。
- 3.遺傳演算程序係利用目標函數之資訊，而非導數或其他輔助知識。
- 4.遺傳演算程序使用機率轉換規則，而非定率之規則。

(三) 二位元編碼法

Maximize $f(x_1, x_2, x_3, \dots, x_m)$

subject to $a_i \leq x_i \leq b_i$, $i = 1..m$

運用遺傳演算法於以上實數參數的問題來說明二位元編碼時，是將每個參數以標準的二位元編碼排成一個位元字串 (bit string)，若某個體

(individual)A 是以固定長度 L 的位元字串來表示，則 $A \in B^L$ 而 $B = \{0, 1\}$ 。許多參數的位元字串連結在一起而成為一個單獨的位元字串 (或稱「染色體」 (chromosome))，代表著整個的參數向量，在生物學的術語上，每一位元的位置即對應於染色體上的一個「基因」 (gene)，而每一位元的值對應於一個「等位基因」 (allele)。

如果一單獨參數 X 有下限與上限 a_i, b_i ，則用 n 個二位元將 X 編碼的標準方法是使用實數 $a_i + k(\frac{b_i - a_i}{2^n})$ 對應標準的貳位元碼，其中 k 為整數且 $0 \leq k \leq 2^n$ [Wright, 1991]。舉一例，若 $a_i = 0$ 且 $b_i = 4$ ， $n = 5$ ，則 $X_i = 3/8$ 將對應於二位元碼 00011。因 0011 的標準解碼為 $1 \times 2^1 + 1 \times 2^0 = 3$ ，故 $k = 3$ ，而 $0 + 3(\frac{4 - 0}{2^5}) = \frac{3}{8}$ 。

基本的遺傳演算法包括三個運算元：

- 1.複製 (reproduction) 或選擇 (selection)：複製是一種個體字串依照其目標數值 f (生物學家稱此函數為「適合度函數」 (fitness function)) 來產生的程序，而依照適合度函數值來產生是指具較高值的字串有較多的機會來產生下一代的子代個體，其中適合度比例的機率值為 $P_i = \frac{\Phi(A_i)}{\sum \Phi(A_j)}$ ， $j = 1..n$ (群集個數)，且 $\Phi: B^L \rightarrow R$ 為其適合度函數。複製運算元在演算型式上可用許多方法來設計，可能最簡單的就是建立一個偏態的 (biased) 輪盤 (roulette wheel)，使群集 (population) 中現存的每一個字串 A_i 依其適合度的比例 在輪盤上佔有一塊相對的位置。
- 2.基因交換 (crossover) 或重組 (recombination)：在使用二位元編碼時，通常用的方法稱為一點 (one-point) 式的交換，過程是將雙親的染色體分開成左右次染色體 (subchromosome)，使雙親的左邊次染色體長度相等，且右邊次染色體長度也相等，然後每個子代從一個親代獲得左邊次染色體再從另一個親代獲得右邊次染色體，其中分開的位置 (在兩個連續的基因之間) 稱為交換點，舉例：若親代染色體為 011 10010 與 100 11110 且交換點在位元 3 與 4 之間 (位元是從左數到右，始於 1)，則子代為

011 11110 與 100 10010。

3. 突變 (mutation)：偶然的以很小的機率 P_m 隨機的改變某個字串位置上的值，若為二位元編碼，即把 1 變成 0 或相反，以功能而言此運算元可防止基因的偏移 (genetic drift) 所致的過早的收斂 (premature convergence)，而無法獲得整體最佳解。

四實數編碼法

實數交換

為了明瞭實數交換，首先看二位元的交換究竟在實數空間上做了什麼，可分為兩種情況予以探討：

1. 當交換點落於編碼的兩個參數之間，在這種情況，一個子代從一個親代的到一部份參數，而從另一個親代得到另一部份參數。舉例：若雙親的二位字串為 X 與 Y，對應於參數向量 $X = (X_1, X_2, \dots, X_m)$ 與 $y = (y_1, y_2, \dots, y_m)$ ，分開點是在 i 與 $i + 1$ 之間，則一個子代對應於參數向量 $(X_1, X_2, \dots, X_i, y_{i+1}, \dots, y_m)$ ，而另一子代則對應於 $(y_1, y_2, \dots, y_i, X_{i+1}, \dots, X_m)$ 。在這種情況下二位元的交換與實數交換是完全一樣得，圖 1 為當 $m = 2$ 時親代與子代的相關幾何位置 [Wright, 1991]。

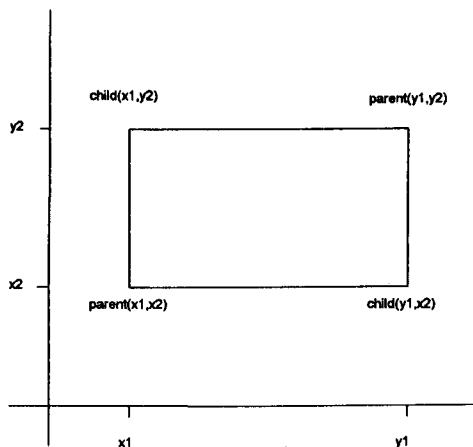


圖 1. 實數交換之幾何意義

2. 假設交換點選擇在某個參數的編碼中間，以二位元編碼，且限於在某一參數中有交換點的情況，則在交換點左邊的參數二位元碼對應於較顯著 (significant) 的位元，而右邊的對

應於較不顯著的位元，如此，一個子代就從一個親代得到參數中較顯著的部分，並從另一個親代得到不顯著的部分。其實我們可看成子代是第一個親代的擾動量 (perturbation)，而此擾動量決定於親代較不顯著的位元之間的差異，事實上，若交換點在位元 k 與位元 $k + 1$ 之間，則變動量對應於將某一個親代的位元 $k + 1$ 至 n 做了改變，若 $R_i = b_i - a_i$ 為此參數的範圍太小，則在實數上變動量的做大尺度為 $R_i \times 2^{-k}$ [Wright, 1991]。

舉例：設參數的範圍為 0 至 1，以 5 個位元來編碼，兩個親代的值為 $5/32$ 與 $27/32$ ，則相對的二位元碼為 001 01 與 110 11。若交換點在位元 3 與 4 間，故子代的碼為 001 11 與 110 01，對應於參數值為 $7/32$ 與 $25/32$ ，其中親代較不顯著位元為 01 與 11，在參數空間上相差了 $2/32$ ，即第一個子代的參數值 $7/32$ 為第一個親代的參數值 $5/32$ 加上 $2/32$ ，而第二個子代的參數值 $25/32$ 為第二個親代的參數值 $27/32$ 減去 $2/32$ 。

圖 2 顯示出實數交換的一個問題，圖中的橢圓代表目標函數的等值線 (contour lines) 其局部最小值位於靠內層橢圓的中心，點 1 與 2 距局部最小值不遠並具有不錯的目標值，但由這兩點做交換產生的新點會比這兩點還差。

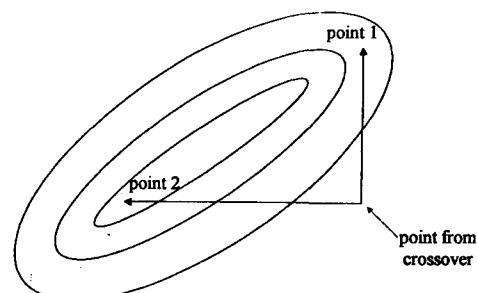


圖 2. 實數交換之缺點

為避免這種情況，可採用其他的交換運算元，例如：

1. Wright 的線性 (Linear) 交換運算元產生 3 個子代點：設兩個親代點為 P_1 與 P_2 ，則其一子代為 P_1 及 P_2 的中點 $0.5P_1 + 0.5P_2$ ，而另兩個子代點位於 P_1 ， P_2 所決定的直線上： $1.5P_1 - 0.5P_2$

P2 與 $-0.5P1 + 1.5P2$ [Wright, 1991]。

2. Radcliffe 的平直 (flat) 交換是在兩個親代點之間隨機均勻的選擇出子代點的值 [Radcliffe, 1990]。
3. Eshelman 與 Schafer 應用一種交換運算元使 Radcliffe 的方法推廣，稱為混合 (Blend) 交換 (BLX- α)，在兩個親代點之間隨機均勻的選出子代點的值並包括兩個親代點本身，更可由一設定參數 α 來相同的使兩邊加以延伸，如圖 3 所示 [Eshelman and Schatter, 1992]。例如 BLX-0.5 即指若兩親代點間的距離為 I，則可在兩親代點外各延伸 0.5I 所定的區間中選取子代點，而 BLX-0.0 與 Radcliffe 的平直交換完全一樣。

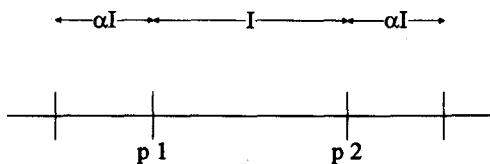


圖 3. BLX- α 交換方式

實數突變

突變運算元在二位元編碼上，是把相對的位元從 0 變為 1 或 1 變為 0，一般情況任一個位元被突變的機率是非常低的，所以對一個參數而言，很難得有超過一個位元會進行突變。

當一個參數碼中某個位元突變時，可視為相對的實數被擾動了，而擾動的大小決定於被選來突變的位元，設 $R_i = b_i - a_i$ 為參數 X_i 的範圍，若使用二位元的編碼，則第 k 個位元的突變對應的實數擾動量為 $R_i \times 2^k$ [Wright, 1991]。擾動的方向取決於突變位元的值，即將 0 變為 1 產生正方向的變動，而將 1 變為 0 產生負方向的變動。

選擇突變尺度的分佈與保持突變點在範圍之內是兩大問題，一種可行的方法為：選一突變率與最大的突變尺度。其中某一參數將進行突變的機率是為突變率，一旦一參數被選來突變其突變的方向以 1/2 的機率隨機的選擇，設參數的原始值為 x ，範圍是 $[a, b]$ 且突變選擇了正向，最大的突變尺度為 M ，則此突變參數將在區間 $[x, \min(x+M, b)]$ 使用均勻的機率分佈。

討 論

實數編碼的遺傳演算法具以下的優點 [Wright, 1991; Eshelman and Schafer, 1992]：(1)增進了數值的精確度，當以二位元編碼時常發生最佳解精度不夠的困擾。(2)參數的範圍不必以 2 的次方來表示。(3)具探索連續變數函數的漸變性之能力，所謂漸變性 (gradualness) 是指當變數微小改變時對函數也造成微小的變化。

(五)函數最佳化之測試

本研究為比較二位元與實數編碼的遺傳演算法在效率和準確度方面的差異，特選了 DeJong 設計的最具代表性的第五個多峰的函數進行測試。另外，再與隨機搜尋 (random search) 方法相互比較。

函數 F5：

$$\frac{1}{F5(x)} = \frac{1}{k} + \sum_{j=1}^k \frac{1}{f_j(x)}$$

其中：

$$f_j(x) = C_j + \sum_{i=1}^2 (X_i - a_{ij})^6$$

F5 是一個多峰函數，特性為連續的、非凸的、非二次方的、二維度的函數，具有 25 個局部最小值，其位置約在點 $\{(a_{ij}, a_{2j})\}_{j=1}^{25}$ 的附近，而點 (a_{1j}, a_{2j}) 的函數值約為 C_j 。

為了測試的目的， a_{ij} 的定義為：

$$[a_{ij}] = \begin{bmatrix} -32, -16, 0, 16, 32, -32, -16, \dots, 0, 16, 32 \\ -32, -32, -32, -32, -32, -16, -16, \dots, 32, 32, 32 \end{bmatrix}$$

其中 $C_j = j$ 且 $k = 500$ ，F5 限制於 $-65.536 < X_i < 65.536, i = 1, 2$ ，其中：

$$\text{MAX}(F5) = 500$$

$$\text{MIN}(F5) = 1$$

$$\text{AVE}(F5) = 473$$

本研究所使用的遺傳演算元參數值包括：群集個體為 100，交換機率為 0.9，突變機率為 0.01。在二位元編碼的遺傳演算法，對 F5 中每一變數 X_i 以字串長度 17 來表示，而在實數編碼的遺傳演算法中使用 BLX-0.5 的交換方式，最大突變尺度為 $0.1 \cdot R_i$ ，其中 R_i 為自變數的範圍。

為求統計上的可靠度總共做了 100 次實驗，而每次都使用不同的初始群集，群集個數為 100，繁衍 10 代，故每次實驗包括 1000 個函數的評估點。

表 1 F5 實驗 100 次最佳函數值之平均與標準偏差

評估數	100	200	300	400	500	600	700	800	900	1000
隨機搜尋平均值	29.0412	13.8423	10.2420	8.4349	6.4777	5.8978	5.1899	4.5269	4.3165	3.9200
二位元法平均值	28.3988	15.3098	9.0999	7.0921	5.9841	4.9583	4.1349	3.6778	3.1327	2.8754
實數法平均值	22.2419	13.7679	9.3268	7.5470	5.8210	3.8186	2.5879	2.4304	2.1770	2.0393
隨機搜尋標準差	45.8199	15.1759	11.2917	9.9696	4.3205	3.9730	3.4124	2.9006	2.7566	2.5477
二位元法標準差	40.8953	22.6915	6.3816	5.3831	4.4567	3.6990	3.3078	2.9326	2.2425	2.0520
實數法標準差	26.0646	13.8931	8.0206	6.9077	4.2337	2.3098	1.5846	1.4737	1.1872	1.1454

以實數編碼的遺傳演算法來測試多峰的 F5 時，結果變得不太理想，在評估過 1000 個點時，100 次的實驗的平均值約為 8，所以經反覆實驗後，做出以下的改進：

1. 增大突變的機率為 0.2，使搜尋點更零散。
2. 隨繁衍代數遞減突變範圍，使精確度提升。

結果已大有進步，最佳的平均值降低為 2.0393，接近於理論最佳值 1，標準偏差為 1.1454，而比二位元編碼與隨機搜尋的效果要好，如表 1 與圖 4 所示。

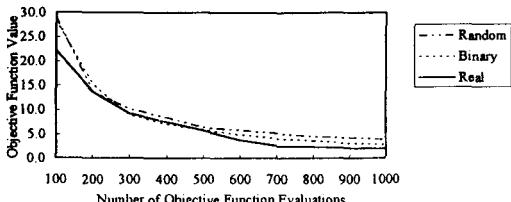


圖 4. F5 實驗 100 次之平均最佳函數值與評估點數關係

表 2 網路架構統計表

項目	個數
河川入流點	3
水庫及發電廠點	1
淨水廠點	5
灌區點	4
匯(分)流點	10
攔河堰點	1

三、石門水庫物件導向模擬程式

(一) 模擬程式之架構與輸入資料

在水庫旬操作模擬模式的設計方面，是從河川的上游水文控制站開始，至河流入海結束，其間經由水庫及水力發電廠、公共給水（淨水廠）、農業灌區、攔河堰及匯（分）流點等，計算架構不僅包括了現有的水資源設施及水工結構物，未來

規劃中的水工設施亦同時列入考慮。網路架構中的項目個數統計例如表 2，程式設計如圖 5，其間的名稱對照如表 3 所示。

模擬程式之輸入資料包函(1)河川入流點之旬入流量，(2)淨水廠與灌區之需水量，(3)電廠之發

表 3 物件與程式中變數之對照

if1	橫溪入流點
if2	三峽入流點
if3	石門入流點
pw1	石門龍潭淨水廠
pw2	平鎮淨水廠
pw3	大湳淨水廠
pw4	板新淨水廠
pw5	柑園淨水廠
iw1	石門灌區
iw2	桃園灌區
iw3	上游灌區
iw4	下游灌區
rd1,2	三峽攔河堰
m1-10	匯(分)流點

電量，(4)水庫之蒸發量，(5)石門水庫水位—面積—容量關係，(6)石門水庫運轉規則。

(二) 水庫模擬的程式設計

水庫依照規線模擬旬操作之流程如下所述：

1. 先全額供給石門大圳的公共給水與農業用水量。
2. 由規線決定電廠下的公共給水及灌溉用水的折扣數。
3. 由網流函數計算水庫應放之需水量。
4. 由入流量與步驟 2 之需水量計算水庫平衡後水位。
5. 由水庫平均水位計算發電水量。
6. 若經電廠放下的用水量小於依規則的發電水

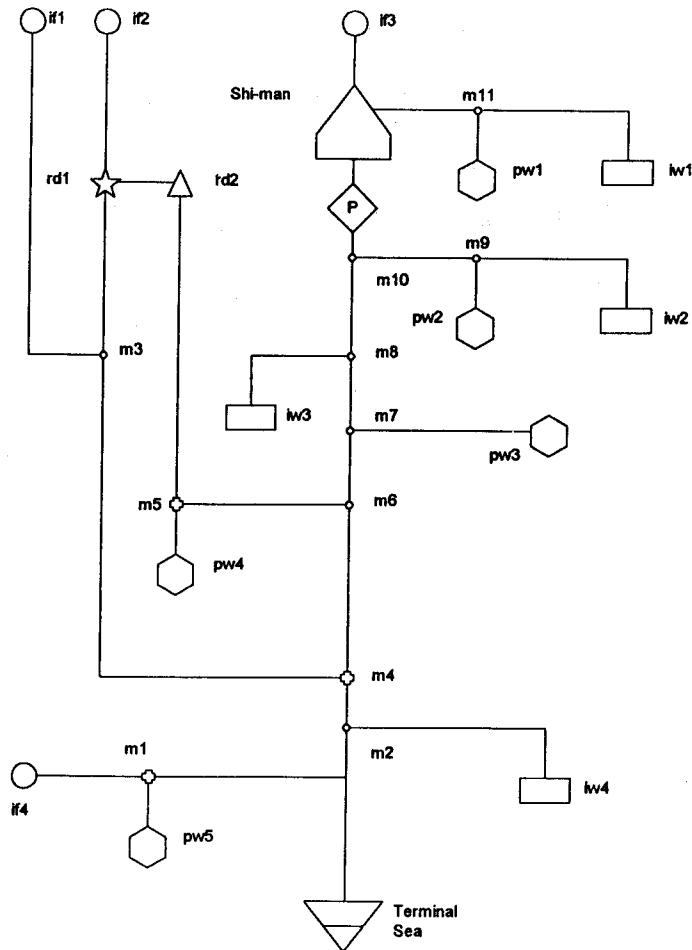


圖 5. 石門水庫程式設計圖

量，則加放水來發電，並重新平衡水庫水位。

四、遺傳演算優選水庫規線

(一) 將規線編碼

本研究應用遺傳演算法在既定的目標函數之下，優選出最佳的石門運用規線，稱為 GA-1 規線，希望在整個可行解空間中有效的逼近於整體最佳解。此外，為了考慮運轉規則中對防洪期水位的限制，特別將六月至九月的上限保持不變，再以遺傳演算法優選在此限制之下的另一組最佳規線，稱為 GA-2 規線，則在進行壩體安全評估之

前亦可獲得較佳的規線。

石門水庫M-5運用規線的形狀是由片斷直線連接而成的折線。以上限而言，有12個連接點，以線段將這12個連接點串成整個上限的形狀，同理，可繪得下限與嚴重下限的形狀。故只要決定3條規線上共36個連接點的位置，就可任意調整規線的形狀。

以二位元編碼的遺傳演算法來優選理想的規線時，首先應將上述的 36 個連接點視為 36 個自變數，形成一條對應於 36 個自變數的染色體，即：| 嚴重下限的 12 個點 | 下限的 12 個點 | 上限的 12 個點 |，其中每一點的表示以原來 M-5 規線的值為中心，上下各取一固定範圍，且考慮同一句中上限值 $>$ 下限值 $>$ 嚴重下限值的限制條件，目以

呆水位 195M 至滿水位 245M 為搜尋範圍，而每一變數(點)均以 3 個位元來編碼，故整個染色體為 $108(36*3)$ 個位元的長度，形成了 2 的 108 次方(約 $3.25*10^{32}$)的搜尋空間，如此龐大的計算量難以列舉方式求解，而有賴於遺傳演算法的強大搜尋能力。

基於前述針對二位元與實數編碼所做的各項實驗，顯示無論在執行時間或結果精確度方面均以實數編碼效果較佳，因優選規線時每變動 36 點中的一個點，就要模擬一次 36 年的旬操作缺水指數，才能得到一目標值，相當耗費時間，因此本研究著重於實驗編碼的遺傳演算法來進行優選，其染色體的表示也是將上述規線上的 36 個點依序排列，但是每一變數(點)並不以位元來編碼，而是直接用實數值表示。

(二)目標函數與限制式

本研究採用缺水指數 (shortage index) 為最小的目標函數型式，達到減低旱災損失的效果，此一指數常引用於國內之相關研究 [徐享崑，1988]。

美國陸軍工程師團之缺水指數 (SI) 為 [Hydrologic Engineering Center, 1966,1975] :

$$SI = \frac{100}{N} \sum \left[\frac{S}{D} \right]^2$$

SI : 旬缺水指數

S : 旬缺水量

D : 旬需水量

N : 分析旬數

系統之限制式

包括四大項，分述如下：

- 1.連續方程式：系統中各水工結構物均須符合水流的平衡條件，即入流量等於出流量。其中水庫還應考慮蓄水效應，即入流量等於出流量加上蓄水量的變化。
- 2.蓄水限制式：水庫水位必須在有效範圍內，呆水位 \leq 水庫水位 \leq 最高水位，石門水庫之呆水位為 195M，最高水位為 245M。
- 3.取水限制：石門大圳之最大取水量為 18.4 CMS，桃園大圳為 16.8CMS。
- 4.淨水廠限制：各淨水廠之取水受其設計流量之限制，而放水受設計出水量之限制。

(三)優選與模擬之整合

遺傳演算法的目標函數包括了整個模擬模式，即模擬出在歷史 36 年的旬入流量(民國 47 至 82 年)，目標需求年(民國 83 年)情況下，石門系統依照某一組規線操作所得的缺水指數為目標值，而遺傳演算法優選的目的是希望找到使上述目標值為最小時的一組優良規線，以上優選與模擬之間的流程如圖 6 示。

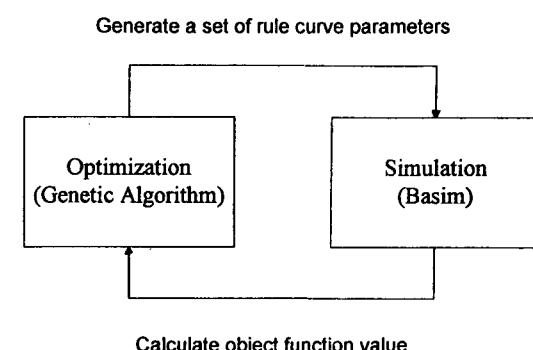


圖 6. 模擬與優選之整合

實數編碼與二位元編碼遺傳演算法所進行的規線優選程序，每一代均用 100 個點，即群集個數為 100，總共繁衍 15 代，結果如圖 7 所示，實數編碼法到第 12 代就收斂於最小目標值 8.267，其電腦執行時間約為 127 分鐘，而二位元編碼法從第 1 0 代後一直停在 9.145，其電腦執行時間約為 132 分鐘，所使電腦機型為 PC 486 DX-33。因實數編碼法的效果較佳，故以下的規線優選結果均以實數方法求得。

五、水庫操作之結果

本研究所使用的重要輸入資料，包括歷史 36 年(1958 – 1993)的旬流量(共 1296 旬)，以及民國 83 年的淨水廠與灌區的需水量，首先模擬出石門水庫 M-5 規線在此 36 年旬入流，與民國 83 年的水

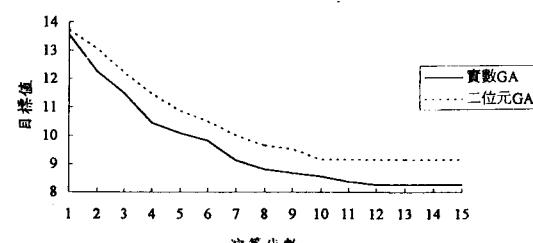


圖 7. 實數與二位元編碼法之演算結果

庫運轉情形，以及下游各淨水廠、灌區的缺水分佈。在檢討過現行的 M-5 規線操作之後，以遺傳演算法優選出一組最佳的規線，稱為 GA-1。為考慮水庫在防洪期（每年六月至九月）的蓄水限制，再以遺傳演算法優選出一組最佳的規線，稱為 GA-2，希望在完成壩體安全評估之前能適用。

將民國 83 年的需水量與歷史 36 年入流量為輸入，分別以本研究設計之 BaSim 模擬程式計算石門現行 M-5 規線，以遺傳演算法優選所得的最佳規線 GA-1，經同樣模擬程序的目標值，以及限制防洪期水位之下優選所得規線 GA-2 的目標值，結果如表 4 所示。

表 4 三種規線之目標函數值

規線種類	旬缺水指數
現行 M-5 規線	15.338
本研究 GA-1 規線	8.267
本研究 GA-2 規線	12.819

表 5 為上述三種規線在民國 83 年的需水目標時，其歷史 36 年（1296 旬）的平均操作統計值，包括水庫平均水位、旬平均發電度數、旬平均水庫蒸發量、旬平均水庫溢流量與旬平均水庫放水量（包括石門大圳與下游經電廠放水之和），並計算水資源利用率（旬平均放水量 / 旬平均入流量）。

表 5 三種規線模擬 36 年旬操作平均結果統計

規線種類	水庫水位 (M)	發電度數 (10^6 kw-h)	水庫蒸發 (CMS)	水庫溢流 (CMS)	石門放水 (CMS)	下游放水 (CMS)
M-5	228.553	3.195	0.200	18.440	5.610	21.902
GA-1	233.223	3.302	0.215	17.536	5.610	22.781
GA-2	228.728	3.236	0.200	18.257	5.610	22.222

表 6 為三種規線在 83 年份的需水量時，歷史 36 年（1296 旬）的各淨水廠與灌區的缺水情形統計，整理出四個淨水廠加上四個灌區的平均（總缺水量除以 8 旬缺水量 = 總缺水量 / 1296 旬）、平均最大旬缺水量、平均缺水旬數、平均最大連續缺水旬數、平均最大連續缺水量、平均年缺水指數（年缺水指數 = $\frac{100}{36} \sum [\frac{AS}{AD}]^2$ ，式中 AS 為年缺水量、AD 為年需水量），以及平均最大缺水指標（最大缺水指標 = 所有連續旬缺水率總和之中最大值）等七項，可顯示出各地區的缺水多寡、分佈與嚴重性。

表 6 三種規線之歷史 36 年缺水統計

	M-5 規線	GA-1 規線	GA-2 規線
平均旬缺水量	0.199	0.097	0.167
最大旬缺水量	3.604	3.783	3.688
缺水旬數	121	53	102
最大連續缺水旬數	12	10	11
最大連續缺水量	30.438	25.668	29.219
年缺水指數	0.630	0.233	0.471
最大缺水指標	6329	5124	6039

圖 8 為石門水庫現行之 M-5 規線與歷史 36 年每旬平均水庫水位的疊圖，顯示在第 10 旬以前與第 32 旬以後，平均水位皆在下限與嚴重下限之間，其餘各旬之平均水位則在上限與下限之間。

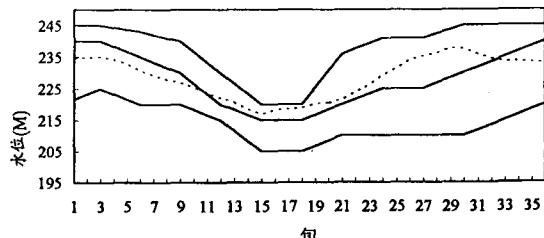


圖 8. M - 5 規線與 36 年平均水位

圖 9 為石門水庫優選之 GA-1 規線與歷史 36 年每旬平均水庫水位的疊圖，顯示在大部份的旬平均水位皆在上限與下限之間，為良好的操作結果。

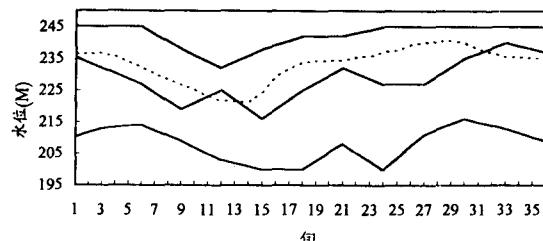


圖 9. GA - 1 規線與 36 年平均水位

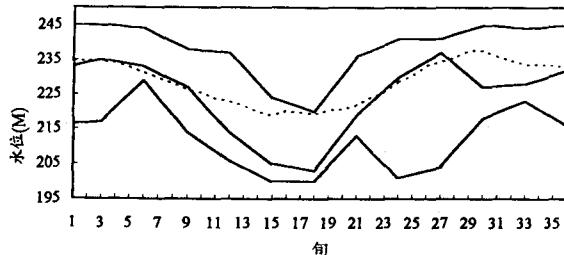


圖 10. GA - 2 規線與 36 年平均水位

圖 10 為石門水庫優選之 GA-2 規線與歷史 36

年每旬平均水庫水位的疊圖，其中六月至九月的上限與 M-5 規線相同。

將上述三種規線在平時(歷史 36 年的平均)與枯水年(民國 62 年)的水資源利用率(水庫的放水量 ÷ 入流量)與旬平均缺水量整理於表 7 與表 8。

表 7 三種規線之水資源利用率(%)

規線種類	平時	枯水年
GA-1	62.2	99.6
GA-2	61	96
M-5	60.3	91.5

表 8 三種規線之平均旬缺水量(CMS)

規線種類	平時	枯水年
GA-1	0.776	3.976
GA-2	1.336	4.096
M-5	1.592	5.4

六、結論與建議

1. 遺傳演算法最近發展出直接以實數來編碼的方式，在精確度及執行效率上皆有良好的表現，為與二位元編碼方式以及隨機搜尋方法做比較，本研究以一多峰函數來測試三種方法的最佳化能力，經由增大突變機率與動態遞減最大突變尺度後，在執行時間與最佳化品質上都獲致令人滿意的結果，驗證了實數編碼強健的功能。
2. 根據本研究設計之石門水庫模擬程式，顯示石門水庫容量不夠大，無法將豐水期的大量入流完全蓄於庫中，以致枯水期不能供應足夠的需水量，所以在石門水庫上游再興建高台水庫以增加調蓄能力，或由台北的翡翠水庫支援需求最多的板新地區，應可減輕缺水的情形。
3. 本研究以遺傳演算法執行優選規線的程序，將規線中的變數編碼成染色體，並設定目標函數為使旬缺水指數最小。結果在旬平均缺水量方面，以遺傳演算法優選所得的 GA-1 規線最為理想，而限制防洪期上限的 GA-2 規線次之，二者之旬缺水指數均比現行 M-5 規線為少。此一結果顯示本方法可有效、自組的搜尋一組在滿足所定的限制式情況下，使目標函數達最佳的水庫操作規線。
4. 將來可嘗試新的遺傳運算元，以組件的方式加入程式中，易於試驗較佳的組合方式，為遺傳

演算法的自動化做準備，並建議在解決複雜的問題時，可混合使用遺傳演算法與其它搜尋的方法以達到最佳的搜尋效果。

謝 誌

本研究承蒙經濟部水利司研究計畫補助經費，謹致謝忱。此外特別感謝水利司徐享崑司長、臺灣大學土木工程學系郭振泰教授以及農業工程學系易任教授、劉佳明教授於研究期間惠賜卓見。

參考文獻

1. Booker, L.B., 1982, "Intelligent Behavior as an Adaptation to Task Environment", Ph.D. Dissertation, Univ. of Michigan, Ann Arbor, Michigan.
2. Brindle, A., 1981, "genetic Algorithms for Function Optimization", Unpublished doctoral dissertation, University of Alberta, Edmonton.
3. Bruns, R., 1993, "Direct Chromosome Representation and Advanced Genetic Operators for Production Scheduling", Proceeding of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, California, 352-359.
4. DeJong, K. A., 1975, "Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems", Ph. D. Dissertation, Department of Computer and Communications Sciences, University of Michigan, Ann Arbor, MI.
5. DeJong, K. A., 1993, "Genetic Algorithms Are Not Function Optimizer", Proceedings of the Fifth International Conference On Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 187-202.
6. Eshelman, Larry J., Schaffer, J. David, 1992, "Real-Coded Genetic Algorithms and Interval-Schemata". Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 187-202.
7. Feldman, D. S., 1993, "Fuzzy Network Synthesis with Genetic Algorithms", Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, California, 312-317.

8. Foo, N. y., & Bosworth, J. L., 1972, "Algebraic, Geometric, and Stochastic Aspects of Genetic Operators (CR-2099)", Washington, DC: National Aeronautics and Space Administration.
9. Goldberg, D. E., 1989, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning". Addison Wesley, Reading, MA.
10. Grefenstette, J. J. (ed.), 1985, "Genetic Algorithms and Their Applications", Proceedings of an International Conference on Genetic Algorithms, Lawrence Erbaum Associates, Hillsdale, N. J.
11. Grefenstette, J. J. (Ed.), 1987, "Genetic Algorithms and Their Applications", Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms, Lawrence Erbaum Associates, Hillsdale, N. J.
12. Gruau, F., 1993, "Genetic Synthesis of Modular Neural Networks", Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, California, 318-325.
13. Guvenir, H. A., 1993, "A Genetic Algorithm for Classification by Feature Partitioning", Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, California, 543-548.
14. Holland, J. H., 1975, "Adaptation in Natural and Artificial Systems". Ann Arbor, MI: The University of Michigan Press.
15. Homaifar, A., Guan, S. and Liepins, G., 1993, "A New Approach on The Traveling Salesman Problem by Genetic Algorithms", Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, California, 460-466.
16. Horn, J., 1993, "Finite Markov Chain Analysis of Genetic Algorithms with Niching", Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, California, 110-117.
17. Hydrologic Engineering Center, 1966, "Reservoir Yield, Generalized Computer Program 23-J2-L245", U.S. Army, Corps of Engineers, Davis, Calif.
18. Hydrologic Engineering Center, 1975, "Hydrologic Engineering Methods for Water Resources Development" Vo1.8, Reservoir Yield", U.S. Army, Corps of Engineers, Davis, Calif.
19. Parodi, A. and Bonelli, D., 1993, "A New Approach to Fuzzy Classifier Systems", Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, California, 223-230.
20. Radcliffe, N. J., 1990, "Genetic Neural Networks on MIMD Computers", Ph.D., Dissertation, Dept. of Theoretical Physics, University of Edinburgh, Edinburgh, UK.
21. Suzuki, J., 1993, "A Markov Chain Analysis on Genetic Algorithm", Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, California, 146-153.
22. Wang, Q. J., 1991, "The Genetic Algorithms and Its Application to Calibrating Conceptual Rainfall-Runoff Models", Water Resour. Res. 27(9), 2467-2471.
23. Wright, A., 1991, "Genetic Algorithms for Real Parameter Optimization", in Foundations of Genetic Algorithms, G. J. E. Rawlins (editor), Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 205-218.
24. 張斐章、陳莉，1993，"遺傳演算法於專家系統中參數優選之研究"，農業工程學報，第三十九卷，第二期，1—12。
25. 徐享崑、鄭念珠、郭國忠、曾鈞敏，1988、「高屏溪流域水資源規劃缺水指標之研究」，成功大學水利及海洋工程研究報告。

收稿日期：民國 84 年 7 月 25 日

接受日期：民國 84 年 9 月 6 日