

一种改进的集对分析法在湖泊富营养化评价中的应用

邬 敏,李祚泳,刘智勇,李大鹏

(成都信息工程学院资源环境系,四川 成都 610225)

摘要 将构建的湖泊富营养化评价标准集合和‘比较标准’集合组成一个集对,并针对集对分析中联系数表达式的差异度系数 i 取值的不确定性,采用遗传算法对 i 的取值进行优化。将优化后的集对分析联系数表达式用于我国若干湖泊富营养化评价,其评价结果与用其他多种方法的评价结果基本一致,亦与湖泊富营养化实况相符合,为 i 值的确定和湖泊富营养化评价提供了一种可行的方法。

关键词 集对分析 联系度 遗传算法 富营养化评价

中图分类号 X524 **文献标识码** A **文章编号** 1004-6933(2009)02-0005-05

Application of improved set pair analysis to assessment of lake eutrophication

WU Min, LI Zuo-yong, LIU Zhi-yong, LI Da-peng

(College of Resources and Environment, Chengdu University of Information Technology, Chengdu 610225, China)

Abstract A set pair was established composing a set of assessed standards of eutrophication and a set of comparison standards. As the discrepancy coefficient i in the connection number formula of set pair analysis (SPA) is indeterminate, it was optimized with a genetic algorithm (GA). The optimized connection number formula was applied to assess the eutrophication of some lakes in China. The results of the assessments, which correspond with the real conditions, are almost consistent with those obtained by other assessment methods. It is concluded that the new method is feasible for the determination of the discrepancy coefficient i and lake eutrophication assessment.

Key words set pair analysis; connection degree; genetic algorithm; eutrophication assessment

湖泊富营养化已成为全球最严重的环境问题之一,而湖泊富营养化评价则是对湖泊进行有效的管理手段。因而数十年来,国内外学者对湖泊富营养化评价进行了不少研究,提出了许多富营养化评价的模型和方法^[1]。最早的富营养化评价是由 Carlson 等提出的卡森指数公式^[2]和修正卡森指数公式^[3],以及适用于我国若干湖泊的营养状态指数公式^[4-5]。近年来,随着新的数学理论和新的优化技术的引入,提出了若干湖泊富营养化评价的新方法。其中模糊综合评价法^[6]、灰色评价法^[7]、物元分析评价法^[8]、人工神经网络评价法^[9-10]、投影寻踪评价法^[11]是较常见的湖泊富营养化直接建模评价法。此外,智能算法和仿生算法亦开始用于湖泊富营养化评价模型或公式中的参数优化。李祚泳等^[12]和汪嘉杨等^[13]

分别用粒子群优化算法和混合禁忌搜索算法优化湖泊富营养化评价的幂函数加和型指数公式中的参数,得出优化后适用于多指标的富营养化评价指数公式。李祚泳等^[14]和邹长武等^[15]在设定了湖泊富营养化指标的‘参数值’基础上,将修正卡森指数公式中的指标值用相对于‘参照值’的指标相对值替换后,分别采用遗传算法(GA)和蚁群算法(ACA)优化修正卡森公式中的参数 a 和 b ,从而得出优化后对多项富营养化指标均适用的普适指数公式。赵晓莉等^[16]提出了一种对多指标都能普遍适用的湖泊富营养化评价的 Logisti 模型,并将鱼群算法应用于模型参数优化。

上述各种评价模型和方法各有利弊。卡森指数公式或修正卡森指数公式虽然公式形式简单,便于

计算,但是它们都只给出了 Chla、TP、TN 和 SD 等少数几项单指标的指数公式,在实际使用中受到限制。模糊评价法、灰色评价法和物元评价法虽然考虑了评价过程中的模糊性、灰色性和不相容性等特征,但评价过程中构造各种评价函数的表达式无规则设计形式,主观性大。神经网络评价法和投影寻踪评价法建模过程编程较复杂,运算量大。基于新的智能仿生和优化算法的湖泊富营养化评价,由于算法理论还不很成熟,因而目前应用尚不普遍。

由于影响富营养化的因素很多,评价因素与富营养化等级之间也存在复杂、非线性、不确定的关系,致使湖泊富营养化评价是一个既确定又不确定的问题,因此,针对确定与不确定问题进行定量分析的集对分析用于湖泊富营养化评价是一个可行的方法^[17-18]。不过,传统的用于湖泊富营养化评价的集对分析模型因差异度系数*i*取值的不确定性,而使得联系数的取值亦具有不确定性。针对这点,有学者提出了用统计试验方法来确定*i*值,并应用于分析洪水的峰量关系得出了较好的结果^[19]。但是用这样的方法确定的*i*值还不具有普遍性,对于实际问题的求解也还不够准确。由于在联系数表达式中,对立度系数*j*的赋值总为-1,因此,当根据集对分析原理求得同一度*a*、差异度*b*和对立度*c*后,只要再已知联系度*μ*的值,就能确定出差异度系数*i*的值。为此,本文将构建的湖泊富营养化评价标准和‘比较标准’组成一个集对,并设定各富营养化等级对应的联系度目标值,构造出满足问题要求的目标函数,应用遗传算法优化确定*i*值,再结合实例将*i*值优化确定后的联系数表达式用于湖泊富营养化评价。该方法用于湖泊富营养化评价的物理意义明确,数学表达式简单,形象直观,使用方便。

1 评价指标的选取及富营养化评价分级标准

影响湖泊富营养化的因子众多,本文结合实例,选取了对浮游植物生长繁殖起关键作用的营养盐总磷(TP)和总氮(TN)因子、表征水体中藻类进行光合作用强弱的透明度(SD)、表示水体中有机物含量的高锰酸盐指数(COD_{Mn})等4个因子作为湖泊富营养

化评价的指标,其分级标准如表1所示^[20]。
为便于用集对分析法建模,对表1中的4个指标再增设一级作为“背景级”,该级透明度SD的值设定为50m,其余3个指标的值皆设定为0。并用公式(1)对表1中指标的富营养化评价分级标准进行规范化。由于SD是逆向指标,需用50-*x*转换成正向指标后,再用式(1)进行规范处理。

$$x'_t = \frac{x_t}{x_{tmax}} \tag{1}$$

式中:*x_t*为指标*t*的监测值或标准值;*x_{tmax}*为湖泊富营养化评价标准中指标*t*的最高一级(极富营养级)标准值;*x'_t*为*x_t*的规范化值。规范化后湖泊富营养化评价的分级标准如表1所示。

2 基于集对分析的富营养化评价模型的构建

湖泊富营养化的评价,实际上是将待评价指标值与富营养化评价分级标准值比较,与某级最接近就被划为该级。应用集对分析进行富营养化评价需将各待评价指标及其相应的评价标准组成一个对子进行综合分析。其具体实现方法如下:将某单项富营养化指标*t*规范化后的6个分级标准视作一个标准样本集合

$$A_t = \{x_t\}$$

式中:*i*为评价指标,*t*=1,2,3,4。

并构建指标*t*的‘比较样本’集合

$$B_{k,t} = \{x_{k,t}\}$$

其中*k*代表6个“比较样本”,*k*=1,2,⋯,6,*t*=1,2,3,4这6个“比较样本”分别与标准样本集合*A_t*的6级标准值相同,则可分别将6个“比较样本”集合*B_{k,t}*与标准样本集合*A_t*组成集对,并在此基础上确定各个“比较样本”单指标联系数表达式*μ_k*(*t*)和所有指标的综合联系数表达式*μ_k*。这样,所求得的6个“比较样本”的综合联系数*μ_k*的值实际上就是水质标准中6类标准的联系度。

2.1 确定各级单指标的联系数表达式

用集对分析法中联系数表达式表示湖泊富营养化状态时,由于扩充后的湖泊富营养化分级标准为6级,因此,需将差异度扩充为4元,则关于单指标

表1 湖泊富营养化评价的分级标准及规范化后的数值

富营养化 程度	TP		COD _{Mn}		SD		TN	
	<i>x_t</i> /(μg·L ⁻¹)	<i>x'_t</i>	<i>x_t</i> /(mg·L ⁻¹)	<i>x'_t</i>	<i>x'_t</i>	<i>x_t</i> /m	<i>x_t</i> /(mg·L ⁻¹)	<i>x'_t</i>
0级(“背景级”)	0	0	0	0	0	50.00	0	0
I级(极贫营养)	1	0.0015	0.09	0.0033	0.2609	37.00	0.02	0.0043
II级(贫营养)	4	0.0061	0.36	0.0133	0.7626	12.00	0.06	0.0130
III级(中营养)	23	0.0348	1.80	0.0664	0.9552	2.40	0.31	0.0674
IV级(富营养)	110	0.1667	7.10	0.2620	0.9924	0.55	1.20	0.2609
V级(极富营养)	660	1.0000	27.10	1.0000	1.0000	0.17	4.60	1.0000

$B_{k,t}$ (k 为监测数据组数, $k = 1, 2, \dots, 6$, t 为评价指标, $t = 1, 2, 3, 4$) 的联系数表达式应为

$$\mu_{k,t} = a_{k,t} + b_{k1,t}i_1 + b_{k2,t}i_2 + b_{k3,t}i_3 + b_{k4,t}i_4 + c_{k,j} \tag{2}$$

式中: $a_{k,t}$ 、 $b_{k1,t}$ 、 $b_{k2,t}$ 、 $b_{k3,t}$ 、 $b_{k4,t}$ 、 $c_{k,t}$ = 1, 其中 $a_{k,t}$ 表示同一度, 对应于“背景级”; $b_{k1,t}$ 、 $b_{k2,t}$ 、 $b_{k3,t}$ 、 $b_{k4,t}$ 表示差异度, 分别对应于Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ级富营养化标准; $c_{k,t}$ 表示对立度, 对应于Ⅴ级富营养化标准。

$a_{k,t}$ 、 $b_{k1,t}$ 、 $b_{k2,t}$ 、 $b_{k3,t}$ 、 $b_{k4,t}$ 、 $c_{k,t}$ 统称为联系度, 具体取值规定如下:

a. 当该指标值等于评价标准时, 即 $x'_{k,t} = x'_{p,t}$ (p 为富营养化分级标准, $p = 1, 2, \dots, 6$), 则该指标值对应联系度的值为 1;

b. 当该指标值处于两个标准级别之间时, 即 $x'_{p,t} < x'_{k,t} < x'_{p+1,t}$, 则该指标值与 p 级和 $p + 1$ 级对应的联系度的值分别为

$$1 - \frac{x'_{k,t} - x'_{p,t}}{x'_{p+1,t} - x'_{p,t}}, \quad 1 - \frac{x'_{p+1,t} - x'_{k,t}}{x'_{p+1,t} - x'_{p,t}}$$

c. 当该指标值大于对应湖泊富营养化分级标准的最高一级(Ⅴ级)时, 即 $x'_{k,t} > x'_{6,t}$, 则 $c_{k,t} = 1$ 。

根据上述规则, 对指标 TP ($t = 1$) 组成的“比较样本”, 它的各组数据 $x'_{k,1}$ ($k = 1, 2, \dots, 6$) 与标准样本集合 A_1 组成的集对的联系数表达式应分别为

$$\begin{aligned} \mu_{1,1} &= 1.0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j \\ \mu_{2,1} &= 0 + 1.0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j \\ \mu_{3,1} &= 0 + 0 \times i_1 + 1.0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j \\ \mu_{4,1} &= 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 1.0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j \\ \mu_{5,1} &= 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 1.0 \times i_4 + 0 \times j \\ \mu_{6,1} &= 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 1.0 \times j \end{aligned}$$

完全类似, 可构造其余 3 个指标(COD_{Mn}, SD 和 TN)组成的“比较样本”的 6 组数据组成的集合 $B_{k,t}$ ($k = 1, 2, \dots, 6$; $t = 2, 3, 4$) 与标准样本集合 A_t ($t = 2, 3, 4$) 组成的集对的联系数表达式。

2.2 各级的综合联系数表达式

当各指标视作等权时, 由各单个指标联系数加权并归一化处理, 得到各级的综合指标联系数表达式 μ_k 。

$$\begin{aligned} \mu_k &= \frac{1}{S} \left(\sum_{t=1}^4 a_{k,t} + \sum_{t=1}^4 b_{k1,t}i_1 + \sum_{t=1}^4 b_{k2,t}i_2 + \sum_{t=1}^4 b_{k3,t}i_3 + \sum_{t=1}^4 b_{k4,t}i_4 + \sum_{t=1}^4 c_{k,j} \right) = \\ &= a_k + b_{k1}i_1 + b_{k2}i_2 + b_{k3}i_3 + b_{k4}i_4 + c_{kj} \\ &(k = 1, 2, \dots, 6) \end{aligned} \tag{3}$$

式中: $S = \sum_{t=1}^4 a_{k,t} + \sum_{t=1}^4 b_{k1,t} + \sum_{t=1}^4 b_{k2,t} + \sum_{t=1}^4 b_{k3,t} +$

$$\sum_{t=1}^4 b_{k4,t} + \sum_{t=1}^4 c_{k,t}。$$

各个营养级别的综合联系数表达式如表 2 所示。根据联系数的定义, 令 $I_m = [1 \ i_1 \ i_2 \ i_3 \ i_4 - 1]^T$, 则式(5)可表示为

$$\begin{bmatrix} \mu_1 \\ \mu_2 \\ \mu_3 \\ \mu_4 \\ \mu_5 \\ \mu_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_1 & b_{11} & b_{12} & b_{13} & b_{14} & c_1 \\ a_2 & b_{21} & b_{22} & b_{23} & b_{24} & c_2 \\ a_3 & b_{31} & b_{32} & b_{33} & b_{34} & c_3 \\ a_4 & b_{41} & b_{42} & b_{43} & b_{44} & c_4 \\ a_5 & b_{51} & b_{52} & b_{53} & b_{54} & c_5 \\ a_6 & b_{61} & b_{62} & b_{63} & b_{64} & c_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 1 \\ i_1 \\ i_2 \\ i_3 \\ i_4 \\ -1 \end{bmatrix} \tag{4}$$

表 2 各个营养级别的综合联系数表达式

级别	各营养级别的综合联系数表达式
0 级(“背景级”)	$\mu_1 = 1 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j$
Ⅰ 级(极贫营养)	$\mu_2 = 0 + 1 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j$
Ⅱ 级(贫营养)	$\mu_3 = 0 + 0 \times i_1 + 1 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j$
Ⅲ 级(中营养)	$\mu_4 = 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 1 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j$
Ⅳ 级(富营养)	$\mu_5 = 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 1 \times i_4 + 0 \times j$
Ⅴ 级(极富营养)	$\mu_6 = 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0 \times i_4 + 1 \times j$

2.3 用遗传算法优化 i_1 、 i_2 、 i_3 、 i_4 值

由密西根大学 Holland 教授创立的遗传算法 (Genetic Algorithm, 简记 GA) 是一种基于生物进化论和遗传学机理的概率搜索方法^[21-22]。其基本特征是在求解过程中, 利用群体进化, 通过使种群不断优化, 找到满意解或最优解。

设 μ_k^0 为第 k 个富营养化级别所对应的联系数目标值。由表 2 中的综合联系数 μ_k 估算目标值 μ_k^0 的初始值。由于 $j = -1$, 因而 $\mu_1^0 = 1$ 、 $\mu_6^0 = -1$ 。因富营养化指标各相邻分级标准值随等级的升高, 其间距是不断增大的, 所以对富营养化级 2~5 级的联系数目标值亦采用相邻 2 个等级之差递增 0.1 的取值法求得 μ_2^0 、 μ_3^0 、 μ_4^0 、 μ_5^0 , 故确定 6 级的目标值分别为: $\mu_1^0 = 1$ 、 $\mu_2^0 = 0.8$ 、 $\mu_3^0 = 0.5$ 、 $\mu_4^0 = 0.1$ 、 $\mu_5^0 = -0.4$ 、 $\mu_6^0 = -1$ 。

用 GA 优化式(4)中的差异度系数 i_1 、 i_2 、 i_3 、 i_4 , 需要构造满足问题的目标函数

$$\begin{cases} \min f(k) = \sum_{k=1}^6 (\mu_k^0 - \mu_k)^2 \\ -1 < i_1, i_2, i_3, i_4 < 1 \end{cases} \tag{5}$$

式中: μ_k 为由式(4)计算得到的富营养化各级联系数值; μ_k^0 为上述确定的各级联系数 μ_k 的目标值 μ_k^0 。

步骤 1: 编码, 利用线性变换式(6), 随机生成 i_1 、 i_2 、 i_3 、 i_4 的 n 组 $[-1, 1]$ 之间的数据 i_m 。

$$i_m = -1 + y_m[1 - (-1)] \quad (m = 1, 2, 3, 4) \tag{6}$$

式中： y_m 为随机生成的 $[0,1]$ 间的 n 组 4 行 1 列的列矩阵。然后,将 i_m 扩展成在 $[-1,1]$ 之间的 6 行 1 列的列矩阵 I_m ,其中第 1 行为 1,第 6 行为 -1 ,如此,生成 n 组符合条件的 I_m 。

步骤 2 :父代群体初始化。由步骤 1 随机生成的 I_m 和式(3)求得的联系度矩阵,根据式(4)计算出各级联系数 μ_k ,若满足条件 $\mu_1 > \mu_2 > \mu_3 > \mu_4 > \mu_5 > \mu_6$ (级数越高, μ 值越小),根据目标函数(5)求得目标值 $f(k)$ 否则, $f(k) = + \infty$ 。

步骤 3 根据公式(7)求父代群体的适应度,适应度大者为优,设群体规模为 1000。

$$F_l(k) = \frac{1}{f_l(k) + 0.001} (l = 1,2,\cdots,1000) \quad (7)$$

步骤 4 若 $f(k)$ 满足精度 λ 要求,终止运算,打印出 I_m 和 $\mu_k^{(0)}$ 。否则转为步骤 5。

步骤 5 杂交,选择出两个适应度最大的个体 I_l 进行线性组合,产生新的子代群体。

步骤 6 :变异,即以一定概率,让个体中的某些点在其附近随机地改变产生子代群体,即第二代群体,返回步骤 2。

步骤 7 演化迭代,直到种群不再进化或满足精度 λ 要求为止。

步骤 8 迭代结束,打印出目标最小值对应的 I_m 和 $\mu_k^{(0)}$, I_m 中 2 到 5 行元素值即为所求的 $i_1、i_2、i_3、i_4$ 的值。

迭代优化得出的 $i_1、i_2、i_3、i_4$ 值如表 3 所示,并将求得的 $i_m (m = 1,2,3,4)$ 值和各类的 $a_{k,t}、b_{k1,t}、b_{k2,t}、b_{k3,t}、b_{k4,t}、c_{k,t}$ 代入式(4)计算得到联系数值

表 3 优化得出的 i_m 值及综合联系数的分级判别标准 $\mu_k^{(0)}$

i_m					$\mu_k^{(0)}$				
i_1	i_2	i_3	i_4	0	I	II	III	IV	V
0.7513	0.6519	0.3391	-0.3934	1	0.7513	0.6519	0.3391	-0.3934	-1

表 4 待评价样本指标值及其综合联系数表达式

湖泊名称	$\rho(\text{TP})/(\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1})$	$\rho(\text{COD}_{\text{Mn}})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	SD/m	$\rho(\text{TN})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	综合联系数表达式
杭州西湖	130	10.3	0.35	2.76	$\mu_1 = 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0 \times i_3 + 0.7046 \times i_4 + 0.2954 \times j$
武汉东湖	105	10.7	0.40	2.00	$\mu_2 = 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0.0144 \times i_3 + 0.7831 \times i_4 + 0.2025 \times j$
青海湖	20	1.4	4.50	0.22	$\mu_3 = 0 + 0 \times i_1 + 0.2536 \times i_2 + 0.7464 \times i_3 + 0 \times i_4 + 0 \times j$
巢湖	30	6.26	0.25	1.67	$\mu_4 = 0 + 0 \times i_1 + 0 \times i_2 + 0.2695 \times i_3 + 0.4986 \times i_4 + 0.2319 \times j$
滇池	20	10.13	0.50	0.23	$\mu_5 = 0 + 0 \times i_1 + 0.1195 \times i_2 + 0.3805 \times i_3 + 0.4292 \times i_4 + 0.0708 \times j$

表 5 湖泊富营养化多种方法评价结果

湖泊名称	μ_k	富 营 养 化 评 价					
		GA-SPA 法	考虑指标协调性法	TOPSISFS 法	PP 法	MODMIIM 法	模糊神经网络法
杭州西湖	-0.5726	极富营养	极富营养	极富营养	极富营养	极富营养	极富营养
武汉东湖	-0.5057	极富营养	极富营养	极富营养	极富营养	极富营养	富营养
青海湖	0.3042	中营养	中营养	中营养	中营养	中营养	中营养
巢湖	-0.3367	富营养	富营养	富营养	富营养	富营养	富营养
滇池	-0.0318	富营养	富营养	富营养	富营养	富营养	富营养

$\mu_k^{(0)}$, $\mu_k^{(0)}$ 作为各级别所对应的联系数分级值。可见,当联系数介于 $0 \sim \text{I}$ 级时湖泊富营养化属于极贫营养, $\text{I} \sim \text{II}$ 级属于贫营养, $\text{II} \sim \text{III}$ 级属于中营养, $\text{III} \sim \text{IV}$ 级属于富营养, $\text{IV} \sim \text{V}$ 级属于极富营养。

3 实证分析

用文献[23]中 5 个湖泊的 4 项富营养化指标的监测数据作为待评价样本,湖泊富营养化评价标准如表 1 所示。根据上述构建的遗传-集对评价方法(GA-SPA),求得 5 个湖泊的综合联系数表达式如表 4 所示。

将表 3 中的 $i_1、i_2、i_3、i_4$ 值代入表 4 中各湖泊的综合联系数表达式中计算,并根据表 3 给出的分级判别标准 $\mu_k^{(0)}$,对 5 个湖泊富营养化程度的 GA-SPA 评价法判别结果以及文献[23]和文献[24]中用的多种评价方法得到的评价结果如表 5 所示。

从表 5 中可见,采用 GA-SPA 评价法对 5 个湖泊所得评价结果除与模糊神经网络法相比仅有武汉东湖不同外,与其他 4 种评价模型的评价结果均一致。事实上,武汉东湖除 TP 属富营养级外,其余 3 个指标均属极富营养,因此判定为极富营养比判定为富营养更符合实际情况,从而验证了该评价方法的可行性。

此外,GA-SPA 法还应用于瘦西湖 1991 ~ 1995 年的富营养化状态进行评价[25],此湖泊水质指标监测值及评价结果见表 6。可见,各年度的 μ_k 值均在 $\text{IV} \sim \text{V}$ 级之间,属于极富营养,与文献[25]用物元分析法和模糊综合评价法给出的评价结果相符合。

表 6 瘦西湖实测数据及评价结果

年份	$\rho(\text{TP})/(\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1})$	$\rho(\text{COD}_{\text{Mn}})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	SD/m	$\rho(\text{TN})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	μ_k	富营养化评价级别		
						GA-SPA 法	物元分析法	模糊综合评价法
1991	940	6.05	0.46	7.16	-0.6963	极富营养	极富营养	极富营养
1992	880	6.93	0.51	5.89	-0.7068	极富营养	极富营养	极富营养
1993	1460	6.73	0.33	9.05	-0.4723	极富营养	极富营养	极富营养
1994	1060	7.00	0.37	7.02	-0.7651	极富营养	极富营养	极富营养
1995	1030	6.62	0.40	6.49	-0.7400	极富营养	极富营养	极富营养

4 结 论

a. 将构建的富营养化评价标准和“比较标准”组成一个集对,采用遗传算法对联系数表达式中差异度系数 i 值进行优化确定,从而为差异度系数 i 值的确定提供了一种可行的方法。

b. 模型构建过程中,各富营养级别的综合联系数目标值的确定,文中采用相邻 2 个等级之差递增 0.1 的取值法,实际问题中也可根据实际需要,采用“比例取值”、“邻近取值”、“均分取值”或其他别的取值法来确定,只要能取得最佳拟合效果即可。

c. 将差异度系数 i 优化确定后的综合联系度表达式应用于我国若干湖泊富营养化评价结果与用其他多种方法的评价结果完全一致,从而表明优化后的集对分析联系数表达式用于湖泊富营养化评价方法简便、实用。

参考文献：

[1] 蔡庆华. 湖泊富营养化综合评价方法[J]. 湖泊科学, 1997,9(6) 9-13.

[2] CARLSON R E. A trophic state index for lakes[J]. Limnol, 1977,22(2) 361-369.

[3] AIZAKI M, OTSUKI A, FUKUSHIMA T, et al. Application of Carlson's trophic state index to Japanese lakes and relationship between the index and other parameters[J]. Verh Internat Verein Limnol,1981,21 675-681.

[4] 李祚泳,张辉军. 我国若干湖泊水库的营养状态指数 TSI_C 及其与各参数的关系[J]. 环境科学学报,1993,13(4) 391-397.

[5] CAI Qing-hua, LIU Jian-kang, KING Lorenz. A comprehensive model for assessing lake eutrophication[J]. Chinese Journal of Applied Ecology,2002,13(12) 1674-1678.

[6] 胡著邦,徐建民,全为民. 模糊评价法在湖泊富营养化评价中的应用[J]. 农业环境保护,2002,21(6) 535-536, 539.

[7] 吴绍龙. 水质评价的模型综合——灰度分析复合模型应用[J]. 上海环境科学,1996,15(6) :10-13.

[8] 林衍,顾恒岳,周富春. 湖泊水质富营养化评价的物元分析法[J]. 环境工程,1996,14(5) :44-49.

[9] 任黎,董增川,李少华. 人工神经网络模型在太湖富营养化评价中的应用[J]. 河海大学学报:自然科学版,2004,32(2) 147-150.

[10] 韩涛,李怀恩,彭文启. 基于 MATLAB 的神经网络在湖泊富营养化评价中的应用[J]. 水资源保护,2005,21(1) 24-26.

[11] 付强,付红,王立坤. 基于加速遗传算法的投影寻踪模型在水质评价中的应用研究[J]. 地理科学,2003,23(2) 236-239.

[12] 李祚泳,汪嘉杨,赵晓莉,等. 富营养化评价的幂函数加和型普适指数公式[J]. 环境科学学报,2008,28(2) 392-400.

[13] 汪嘉杨,李祚泳,熊建秋,等. 混合禁忌搜索算法在湖泊富营养化评价中的应用[J]. 湖泊科学,2007,19(4) 445-450.

[14] 李祚泳,邓新民,赵晓宏,等. 湖泊营养状态评价的普适指数公式及效果检验[J]. 环境工程,2002,20(1) 70-72.

[15] 邹长武,金相灿,熊建秋,等. 进化蚁群算法及其在湖泊富营养化评价中的应用[J]. 环境科学研究,2006,19(5) 149-153.

[16] 赵晓莉,李祚泳,闫军. 人工鱼群算法在湖泊富营养化综合评价中的应用[J]. 水资源保护,2008,24(1) 49-51.

[17] 赵克勤. 集对分析及其初步应用[M]. 杭州:浙江科学技术出版社,2000.

[18] 李凡修,陈武. 海水水质富营养化评价的集对分析方法[J]. 海洋环境科学,2003,22(2) :72-74.

[19] 朱兵,王文圣,王红芳,等. 集对分析中差异不确定系数 i 的探讨[J]. 四川大学学报:工程科学版,2008,40(1) 5-9.

[20] 王明翠,刘雪芹,张建辉. 湖泊富营养化评价方法及分级标准[J]. 中国环境监测,2002,18(5) 47-49.

[21] HOLLAND J H. Genetic algorithms[J]. Scientific American, 1992(4) 44-50.

[22] 李祚泳,丁晶,彭荔红. 环境质量评价原理与方法[M]. 北京:化学工业出版社,2004 257-298.

[23] 张亦飞. 考虑指标协调性的湖泊富营养化评价模型[J]. 环境科学学报,2007,27(11) :1924-1928.

[24] 崔振才,程兴奇,杜守建,等. 应用逼近理想解法综合评价水环境质量[J]. 水资源保护,2006,22(4) 50-52.

[25] 高明慧. 物元分析在水质富营养化评价中的应用(续)[J]. 中国环境监测,1996,12(4) 43-45.

(收稿日期 2008-01-06 编辑 高渭文)