

应用蒙特卡罗—免疫遗传算法分析土坡的稳定可靠性

冯利军 李竞生

(煤炭科学研究总院西安分院 西安 710054)

摘 要 本文借鉴疫苗提取、疫苗接种、免疫记忆、基因亲和突变、基因重组等思想提出了一种改进的免疫遗传算法。在此基础上研究了基于本文免疫遗传算法的土坡最危险滑动面搜索方法,并将该方法与蒙特卡罗随机模拟技术相结合,用于土坡稳定可靠性分析。工程实例计算结果与实际情况相符,验证了算法的有效性和分析方法的正确性。

关键词 免疫遗传算法 蒙特卡罗随机模拟技术 可靠性分析 土坡

中图分类号: TD824.7 文献标识码: A

SOIL SLOPE RELIABILITY ANALYSIS USING MONTE - CARLO - IMMUNE GENETIC ALGORITHM

FENG Lijun LI Jingsheng

(Xi'an Branch, CCRIL, Xi'an 710054)

Abstract An improved immune genetic algorithm has been put forward in this paper. It is based on the thoughts of vaccine selection, vaccination, immune memory, gene affinity mutation, gene recombination. On the basis of the algorithm, a search method for the most dangerous slip surface of soil slopes has been studied. The method is further combined with Monte - Carlo stochastic simulated technique. The method has been used in the soil slope reliability analysis. An actual case study is given. The calculating result for the actual case is in accordance with the fact. The study verifies the validity of the algorithm and the correctness of the method.

Key words Immune genetic algorithm, Monte - Carlo stochastic simulated technique, Reliability analysis, Soil slope

1 引言

基于安全系数的土坡稳定性分析是一种定值分析方法,在长期的工程实践中已经证明它是一种行之有效的方法,而且目前在土坡稳定性分析方面仍占据主导地位。然而,工程实践和大量试验数据表明,土坡稳定性影响因素中有许多都具有一定的随机性,如土体物理力学参数、地下水以及各种外部

荷载等。当这些因素的随机变异性较大时,采用确定性分析方法往往会带来较大的误差,有时甚至不能真实反映土坡的实际稳定状态,有可能出现安全系数大于1而土坡发生破坏的情况。随着结构可靠性理论和方法的发展及在工程领域的不断应用,基于结构可靠度的土坡稳定性分析方法也应运而生。由于可靠度分析方法以概率论和数理统计作为基础,可以考虑影响土坡稳定性的各变量随机特征及分布规律。因此,用可靠指标和失效概率取代安全

* 收稿日期: 2007 - 01 - 29;收到修改稿日期: 2007 - 03 - 19。

第一作者简介:冯利军,主要从事智能优化算法在边坡稳定性分析方面的应用研究。Email: fenglj1030@sohu.com

系数作为评价土坡稳定性的指标可以更好地反映土坡实际稳定程度,提高对土坡稳定性的定量把握水平。本文基于结构可靠度分析的基本理论和方法,将蒙特卡罗(Monte-carlo)随机模拟技术与基于免疫遗传算法的土坡最危险滑动面搜索定值分析方法相结合,用于土坡稳定可靠性分析,取得了较好的效果。

2 免疫遗传算法设计与实现

2.1 算法设计

笔者借鉴疫苗提取、疫苗接种、免疫记忆、基因亲和突变、基因重组等思想提出一种改进的免疫遗传算法。与基本遗传算法和文献[1~2]免疫算法相比,主要在交叉操作方式、算法结构、疫苗提取方式、疫苗接种方式以及免疫选择等方面作了改进。

(1)将基本遗传算法群体中个体随机配对进行交叉操作调整为比例选择个体随机配对进行交叉操作,这样可使优良个体有更多的机会参加交叉操作,并将其优良基因信息更多地遗传给后代,在增加种群多样性的同时也有利于提高后代个体的适应度。另外取消基本遗传算法在比例选择后所进行的个体复制操作,避免相同个体大量出现影响种群的多样性。这样的调整意味着,对于进化过程中的优良个体只是给予他们更多的机会参加交叉操作,而不是直接将他们比例复制进入下一代。从而达到既提高个体适应度又维持个体多样性的目的。

(2)基本遗传算法的选择、交叉、变异操作一般是依次顺序进行的,后续操作有可能破坏前面操作所得到的优良个体。为了减少这种可能性,交叉、变异概率的取值通常不宜太大。显然,这会降低种群中新个体产生的效率,也不利于维持个体的多样性。为此本文算法将交叉、变异操作次序改为并行,并从父代群体和各种遗传操作所得子代群体中共同选择数量与原种群规模相同的若干优良个体组成新的种群,这样就可消除上述不利影响,同时,算法本身采用了最优群体的保存策略,有利于提高算法寻优的稳健性和效率。此外,采用并行结构后,增大交叉、变异概率将不再受到限制,它们甚至可取为1。因此,可极大地提高交叉、变异操作产生新个体的效率,有利于维持种群的多样性,同时也可避免参数选取的困难。

(3)文献[1]的疫苗提取要求必须根据具体问

题来确定,而这在许多情况下很难做到,一方面可能无法从待求解的问题中提取到用于制作疫苗的特征信息,也就是说无法获得有效的免疫疫苗;另一方面,即使有可能得到疫苗,但为了寻找这种疫苗所付出的代价不亚于优化问题本身的求解,因而使得提取疫苗工作失去了意义。为此,本文提出了从遗传进化所得到的最优群体的抗体基因组成信息中以自适应的方式提取疫苗,使得疫苗提取操作通用而方便,不再是一种针对具体问题必须人为确定疫苗的操作行为了,因而有利于普及和推广。

(4)文献[1~2]接种疫苗操作采用按照疫苗修改抗体基因的方式来实施,而本文则采用基因亲和突变的方式来完成,而基因亲和突变则是在疫苗作用影响下的抗体基因块的重组过程。按照同一个疫苗修改抗体基因的接种疫苗操作方式易于造成抗体基因的趋同性,不利于维持抗体多样性;而采用疫苗作用下的抗体基因块随机重组方式来接种疫苗,则既可提高抗体的亲和度又可保持抗体的多样性,从而可明显地提高算法的局部寻优能力。而免疫选择则采用最优群体选择方式,即从遗传进化群体和基因重组群体所共同组成的群体中选择与原种群规模相同的、亲和度较高的抗体组成下一代抗体种群。

基于算法改进的基本思想,本文免疫遗传算法的算法步骤如下:

- (1)进行个体遗传编码,并随机产生初始种群 A_0 ,并置进化代数 $q = 0$;
- (2)按照设计的适应度函数计算个体适应度;
- (3)算法终止准则判断,若满足终止条件,则结束算法,并输出优化搜索结果,否则,执行以下步骤;
- (4)对当前第 q 代种群 A_q 并行进行交叉操作和变异操作,分别得到种群 B_q 和 C_q ;
- (5)对由种群 A_q 、 B_q 和 C_q 所组成的群体进行遗传选择操作,得到种群 D_q ;
- (6)从种群 D_q 提取疫苗;
- (7)采用基因亲和突变的方式进行接种疫苗操作,得到种群 E_q ;
- (8)对由种群 D_q 和 E_q 所组成的群体进行免疫选择操作,得到新一代种群 A_{q+1} ,并置 $q = q + 1$,返回步骤 2)。

2.2 算法实现

本文免疫遗传算法的算法实现主要涉及遗传编码、种群初始化、适应度函数设计、交叉操作、变异操作、遗传选择、提取疫苗、接种疫苗、免疫选择以及算

法基本参数设置等具体内容。对于以下最优化问题

$$\begin{cases} \min f(x(1), x(2), \dots, x(m)) \\ a(j) \leq x(j) \leq b(j), j = 1, 2, \dots, m \end{cases} \quad (1)$$

其中, f 为目标函数, $x(j)$ 为第 j 个优化变量, $[a(j), b(j)]$ 为变量 $x(j)$ 的取值区间, m 为优化变量的数目。算法的具体实现方法如下:

2.2.1 遗传编码

采用实数编码,利用如下线性变换

$$x(j) = a(j) + u(j)(b(j) - a(j)) \quad j = 1, 2, \dots, m \quad (2)$$

将变化区间为 $[a(j), b(j)]$ 的第 j 个优化变量 $x(j)$ 影射到 $[0, 1]$ 单位区间上的实数 $u(j)$, 通过这种变化, 所有优化变量的取值范围都统一为 $[0, 1]$ 区间。 $u(j)$ 即为个体基因, 将所有变量对应的基因依次连接在一起所形成的编码形式 $(u(1), u(2), \dots, u(m))$ 即表示一个染色体或个体。它也是待求解优化问题的一个可行解, 免疫遗传算法的所有遗传操作和免疫操作都是基于优化变量的这一基因编码形式进行的。

2.2.2 种群初始化

设种群规模为 n , 生成 n 组 $[0, 1]$ 区间上的均匀随机数, 每组有 m 个, 则该种群可表示为 $A_0 = \{u(j, i), j = 1, 2, \dots, m, i = 1, 2, \dots, n\}$, 对于种群中的每一个个体 i , $u(j, i), j = 1, 2, \dots, m$, 表示该个体的 m 位基因。利用式 (2) 可求得与个体 i 的各位基因相对应的优化变量值 $x(j, i), j = 1, 2, \dots, m$, 然后, 再由式 (1) 得到相应的目标函数值 $f(i)$ 。

2.2.3 适应度函数设计

对于式 (1) 所表示的最小化问题, 可将适应度函数 $F(i)$ 定义为

$$F(i) = \begin{cases} -f(i), & f(i) < 0 \\ 0, & f(i) \geq 0 \end{cases} \quad (3)$$

式中, ϵ 为一个适当大的正数。

2.2.4 交叉操作

对于本文的实数编码系统, 一个基因表示一个优化变量, 进行交叉操作, 就是从第 q 代种群 A_q 中按照一定的选择概率随机选择一对个体作为父代双亲, 并对随机指定的某一基因座相互交换彼此的基因 $u(j, i_1)$ 和 $u(j, i_2)$, 从而产生一对新的个体, 如此反复, 共选择 $n/2$ (取整) 次父代个体进行交叉操作, 便可形成一个新的群体 $B_q = \{ub(j, i), j = 1, 2, \dots, m, i = 1, 2, \dots, n\}$ 。父代双亲按照比例选择方法进行选择, 个体 i 的选择概率为

$$p(i) = \frac{F(i)}{\sum_{i=1}^n F(i)} \quad (4)$$

2.2.5 变异操作

对于本文的实数编码系统, 进行变异操作就是对父代群体 A 中的每一个个体按照随机选定的基因座, 分别用 $[0, 1]$ 区间上的一个随机数替换相应的基因值, 从而形成一个新的群体 $C_q = \{uc(j, i), j = 1, 2, \dots, m, i = 1, 2, \dots, n\}$ 。

2.2.6 遗传选择

本文的选择操作采用了最优群体选择策略。即从父代群体 A_q 、交叉操作所形成的群体 B_q 以及变异操作所形成的群体 C_q 的 $3n$ 个个体中选择具有较高适应度的 n 个个体组成一个新的群体 $D_q = \{ud(j, i), j = 1, 2, \dots, m, i = 1, 2, \dots, n\}$ 。新群体成员可以通过将 $3n$ 个个体按适应度由大到小排序, 并取前 n 个个体来确定。

2.2.7 提取疫苗

笔者提出了一种自适应、通用的疫苗提取方法, 即通过分析遗传进化群体的基因特征信息来自动提取疫苗。由于抗体群中所有抗体各基因座的基因取值都被统一在 $[0, 1]$ 区间上, 所以只要分析各基因座基因在该区间的取值分布特征, 并统计相应的抗体亲和度平均值, 就可以得到高亲和度抗体的基因组成特征, 这也就是所要提取的疫苗。疫苗的制作就是获取不同亲和度抗体基因在 $[0, 1]$ 区间各段的取值概率, 要求高亲和度抗体的基因具有高的取值概率。具体方法是: 将 $[0, 1]$ 区间均匀划分为 s 个子区间: $[0, 1/s], (1/s, 2/s], \dots, ((s-1)/s, 1]$, 称其为 s 个基因块。统计抗体群 D_q 中 n 个抗体在同一基因座上的基因分别在这 s 个基因块中的分布数量, 并计算基因分布在同一个基因块中的抗体亲和度平均值, 用 $F(k, j), k = 1, 2, \dots, s, j = 1, 2, \dots, m$, 表示第 j 基因座上基因分布在第 k 个基因块中的抗体亲和度平均值。抗体第 j 基因座上的基因在第 k 个基因块中的取值概率按照下式计算:

$$p(k, j) = \frac{F(k, j)}{\sum_{k=1}^s F(k, j)} \quad j = 1, 2, \dots, m \quad (5)$$

式 (5) 表明抗体第 j 基因座上的基因在第 k 个基因块中的取值概率与基因分布于该基因块的抗体亲和度平均值成正比。这个概率也就是基于遗传进化抗体群 D_q 所提取到的疫苗。

2.2.8 接种疫苗

本文接种疫苗操作借鉴克隆选择原理中基因亲

和突变思想,通过疫苗作用下的基因块重组过程来完成。具体方法是:

令 $t(k, j) = \sum_{l=1}^k p(l, j)$, $j = 1, 2, \dots, m$, 则对于每一确定的基因座 j 序列 $t(k, j)$, $k = 1, 2, \dots, s$, 将 $[0, 1]$ 区间分成 s 个子区间: $[0, t(1, j)]$, $(t(1, j), t(2, j))$, \dots , $(t(s-1, j), t(s, j))$, 这 s 个子区间与 s 个基因块之间就建立了一一对应的关系。在 $[0, 1]$ 区间产生一个随机数, 该随机数必然落在这 s 个子区间中的某一个, 则与该随机数所在子区间相对应的基因块就被选择从中提取基因值。如第 k 个基因块被选择, 则从中提取基因值的方法是: 在 $[0, 1]$ 区间产生一个随机数 $u_1(j, i)$, 按照下式确定某一待重组抗体 i 的第 j 个基因座上的基因值

$$ue(j, i) = \frac{k-1}{s} + \frac{u_1(j, i)}{s} \quad (6)$$

类似在疫苗作用下可以随机得到所有 m 个基因座上的基因值, 并由它们重组形成一个新的抗体, 重复上述过程直到得到 n 个重组抗体, 并由他们组成一个新的基因重组群体 $E_q = \{ue(j, i), j = 1, 2, \dots, m, i = 1, 2, \dots, n\}$ 。至此, 经过基因重组方式的接种疫苗操作得到了一个新的群体, 该群体中抗体亲和度将有更大的几率得到提高, 接种疫苗操作有利于提高算法的局部寻优能力和效率, 同时也可增加抗体的多样性。

2.2.9 免疫选择

免疫选择的作用是为了保证算法寻优的稳健性和收敛性, 同时它也是免疫记忆得以实现的重要环节。本文免疫选择采用了类似遗传选择的操作方法, 即从遗传进化群体 D_q 和基因重组群体 E_q 所组成的群体中选择适应度 (或亲和度) 较高的 n 个个体 (抗体) 组成一个新的群体, 选择方法同样可以采用按适应度 (或亲和度) 排序选择的方法。将该群体作为第 $q+1$ 代群体 A_{q+1} 进行下一轮次的遗传和免疫操作, 直到满足算法终止准则。

2.2.10 基本参数设置

本文免疫遗传算法的基本参数主要包括: 种群最大进化代数 T , 种群规模 n , 基因块数量 s , 其中, 基因块数量 s 是用来划分基因块的取值范围的, 若数量少则划分粗糙, 不利于充分提取个体基因信息, 影响疫苗的质量; 若数量太大, 疫苗质量也不会有进一步的提高, 相反会使计算工作量增加, 同时算法优化结果还会出现一定的震荡现象。对于不同的优化问题, 基因块数量一般都有一个最佳取值范围, 需根据

具体问题合理确定。

2.2.11 算法终止准则

采用双重准则, 满足其中之一则算法终止, 并输出优化搜索结果。其一, 若种群进化代数大于 q_{\max} , 则终止算法执行; 其二, 若连续若干代种群中最佳个体适应度值不再有明显的改进, 则终止算法执行。

3 基于免疫遗传算法的土坡最危险滑动面搜索

为了利用本文免疫遗传算法解决土坡最危险滑动面搜索问题, 需要将该问题转化为免疫遗传算法可以处理的形式。具体而言, 就是要解决滑动面位置及形状控制参数变量的设计和遗传编码问题, 解决适应度 (亲和度) 函数的设计和计算方法。

3.1 变量的设计与遗传编码

目前用于土坡稳定性分析的各种智能算法对于圆弧形滑动面较多采用圆心坐标 (x_0, y_0) 以及半径 R 作为设计变量。采用圆心坐标和滑弧半径作为设计变量, 其优点是比较直观, 可据此直接得到滑弧位置。但缺点是圆心坐标的可行解搜索区域及半径相对较难确定。为此本文提出另一种间接的方法来确定设计变量, 经过换算可得到滑弧圆心坐标和半径 (图 1)。图中 FBCE 为一坡面的外轮廓线, AHD 为任一潜在滑弧, A 点为滑弧前缘滑出点与坡底线 BF 的交点, 该点也可能位于坡面线 BC 上, 在此不妨假定位于坡底线上。D 点为该滑弧后缘与坡顶线 CE 的交点, AD 为连接滑弧 A 和 D 两点的弦, GH 为弦 AD 的中垂线, O 为滑弧的圆心。选择 A 和 D 的 x 坐标 x_A 和 x_D 以及圆心 O 的 x 坐标 x_0 作为设计变量, 则滑弧的位置和形状也可唯一地确定。而且

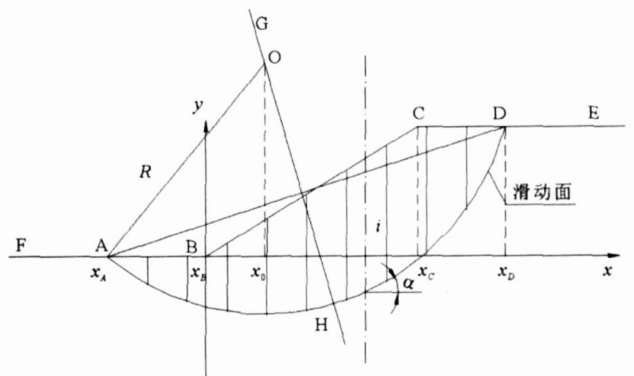


图 1 本文设计变量几何关系

Fig 1 Geometrical relationship of designing variables

由几何关系很容易求得圆心 y 坐标 y_0 和滑弧半径 R_0 。对于给定的 x_A 和 x_D , 由土坡外轮廓线形状分布函数就可求得 A 和 D 的 y 坐标—— y_A 和 y_D , 也即滑弧滑出和滑入点位置确定。由于滑弧圆心必然位于弦 AD 的中垂线 GH 上, 所以只要给定圆心 x 坐标 x_0 , 由图 1 所示的几何关系可推导出 y_0 和 R 的计算公式如下:

$$y_0 = \frac{x_A - x_D}{y_D - y_A} \left(x_0 - \frac{x_A + x_D}{2} \right) + \frac{y_A + y_D}{2} \quad (7)$$

$$R = \sqrt{(x_A - x_0)^2 + (y_A - y_0)^2} \quad (8)$$

x_0 的取值范围可根据具体土坡工程问题设定为 $X_0 \in (x_3, x_4)$ 。另外, 滑弧滑入点的 x 坐标 x_D 应大于 x_C , 小于某一设定的值 x_1 , 而滑弧滑出点的 x 坐标 x_A 应小于 x_C , 大于某一设定的值 x_2 。由设计变量所组成的向量 $X = [x_D, x_A, x_0]$, 即可表示最危险滑动面搜索这一优化问题的候选解, 解的可行域为

$$= \{ X \mid x_D \in (x_C, x_1), x_A \in (x_2, x_C), x_0 \in (x_3, x_4) \}$$

显然, X 是三维欧氏空间 R^3 的一个子域。若用向量 X 作为免疫遗传算法中个体 (抗体) 染色体的编码形式, 则一个向量表示一个个体, 而向量的分量则代表个体基因。编码方式采用实数编码, 因此 x_D, x_A, x_0 可直接取其真实值。

3.2 适应度函数设计与计算

对于土坡最危险滑动面搜索问题, 其目标函数为土坡稳定安全系数 F_s , 由设计变量 $X = [x_D, x_A, x_0]$ 所确定的每一个潜在滑动面都唯一地对应着一个土坡稳定安全系数 F_s , 所以 F_s 是 X 的函数, 即 $F_s = F_s(X)$ 。由于该问题求目标函数的最小值, 且适应度函数要求非负, 所以可将适应度函数定义为

$$F(X) = \begin{cases} 1/F_s(X) & F_s(X) > 0 \\ 0 & F_s(X) \leq 0 \end{cases} \quad (9)$$

对于圆弧形滑动面, 简化 Bishop 法是国际上公认的一种比较精确的计算方法, 目标函数可按照简化 Bishop 法由下式求得

$$F_s = \frac{\sum_i [c_i l_i \cos \alpha_i + (W_i - u_i l_i \cos \alpha_i) \tan \alpha_i] / m_i}{\sum_i W_i \sin \alpha_i} \quad (10)$$

其中

$$m_i = \cos \alpha_i + \frac{\tan \alpha_i \sin \alpha_i}{F_s} \quad (11)$$

式中, W_i 为第 i 个土条自重; u_i 为第 i 个土条底部孔隙水压力; l_i 为土条底部斜长; α_i 为第 i 个土条底部滑面倾角; c_i 为与第 i 个土条相对应的土体有效强度指标。

对于由任一个体 $X = [x_D, x_A, x_0]$ 所确定的滑动圆弧 AHD, 将该滑弧以上土体垂向划分为若干间距相等的土条 (图 1)。显然, 对于其中第 i 个土条, 式 (10) 中与之对应的 $W_i, u_i, l_i, \alpha_i, c_i$ 均为 X 的函数, 可以由图 1 中的几何关系及已知参数计算求得。并由式 (10) 得到与个体 X 对应的目标函数 $F_s(X)$ 值, 进而由式 (9) 求得适应度函数 $F(X)$ 的值。由于 F_s 为隐函数, 所以需要迭代方法求解。

在完成变量设计、遗传编码、目标函数及适应度函数设计, 并确定计算方法之后, 就可将圆弧形最危险滑动面搜索问题作为以下非线性函数优化问题

$$\begin{cases} \min F_s(X) \\ X = [x_D, x_A, x_0] \\ X \in R^3 \end{cases} \quad (12)$$

利用本文免疫遗传算法直接求解, 得到最小安全系数及与之对应的滑动面位置。

4 应用蒙特卡罗 - 免疫遗传算法分析土坡的稳定可靠性

在土坡几何形状和受力条件确定的情况下, 对于土坡中假定的任何潜在滑动面都存在一个与之对应的安全系数 F_s 和与之对应的失效概率 P_f , 而且在这些滑动面中必然存在一个安全系数最小和失效概率最大的最危险滑动面。由于基于安全系数的土坡稳定性分析结果是在参数变量取均值的情况下得到的, 而土坡稳定可靠度分析则是将参数变量作为随机变量来考察的, 所以二者得到的最危险滑动面位置一般并不重合^[3], 但这种差异影响并不大, 所以, 采用参数变量均值确定最危险滑动面, 并将其作为可靠度分析的滑动面, 完全可以满足工程精度要求^[4]。基于以上基本认识, 那么与最小安全系数相对应的最危险滑动面仍可采用本文免疫遗传算法搜索确定, 然后将搜索到的滑动面作为可靠度分析滑动面, 采用蒙特卡罗结构可靠度分析方法计算可靠指标和失效概率。理论上已经证明, 随着模拟次数的增加, 蒙特卡罗法的计算结果将逐渐趋近于精确解, 因此, 在结构可靠度计算中, 蒙特卡罗法被认为是一种准精确计算方法, 而其他近似计算方法的精度也常常用蒙特卡罗法进行验证^[5]。

4.1 功能函数定义及极限状态方程

用安全系数 F_s 评价土坡稳定性时,当 $F_s > 1$ 时,土坡处于稳定状态,当 $F_s = 1$ 时,土坡处于极限状态,而当 $F_s < 1$ 时,土坡处于破坏状态。将影响土坡稳定性的诸随机因素作为随机变量,并记为 x_1, x_2, \dots, x_m ,它们组成了一个 m 维随机向量 X ,显然,安全系数 F_s 是 X 的函数,而且 F_s 本身也是一个随机变量。那么土坡稳定可靠度分析的功能函数可以定义为

$$Z = g(X) = F_s(X) - 1 \quad (13)$$

当 $Z = g(X) = F_s(X) - 1 > 0$ 时,土坡处于可靠状态;当 $Z = g(X) = F_s(X) - 1 < 0$ 时,土坡处于失效状态;当 $Z = g(X) = F_s(X) - 1 = 0$ 时,土坡处于极限状态。方程 $Z = g(X) = F_s(X) - 1 = 0$ 称为土坡的极限状态方程。

土坡破坏失稳概率为:

$$P_f = P(Z < 0) = P\{F_s(X) - 1 < 0\} \quad (14)$$

土坡稳定可靠指标为:

$$\beta = \frac{\mu_z}{\sigma_z} = \frac{\mu_{F_s} - 1}{\sigma_{F_s}} \quad (15)$$

式(15)中, μ_{F_s} 和 σ_{F_s} 分别为安全系数均值和标准差。

大量的工程试验数据和已有的研究结果^[6]表明,在影响土坡稳定性的随机变量中,土体抗剪强度指标 c 多呈正态分布,而 ϕ 多呈对数正态分布。

4.2 算法步骤

应用蒙特卡罗-免疫遗传算法分析土坡稳定可靠性的算法步骤如下:

(1)确定影响土坡稳定性的随机变量及其分布类型和参数;

(2)取随机变量均值作定值分析,采用免疫遗传算法搜索确定与最小安全系数对应的最危险滑动面,并将此滑动面作为土坡稳定可靠度分析滑动面;

(3)根据各随机变量的分布类型和参数,随机产生服从各自分布的一组随机数 x_1, x_2, \dots, x_m ,同时,采用对偶变数抽样法^[7],产生与其为负相关的另一组随机数 x_1, x_2, \dots, x_m ;

(4)将第(3)步所得各变量的两组随机数代入土坡稳定可靠度分析功能函数式(13),分别求得 Z

和 Z ,并令 $\hat{Z} = \frac{Z + Z}{2}$;

(5)重复步骤(3)和(4),直到达到满足预期精度要求的抽样次数 N ,并累计计算出现 $\hat{Z} \leq 0$ 的次数 M ;

(6)根据计算得到的功能函数的 N 个样本值,估计其均值 $\mu_{\hat{Z}}$ 和标准差 $\sigma_{\hat{Z}}$;

(7)按照下式计算土坡失效概率 P_f 和可靠指标

$$P_f = \frac{M}{N}$$

$$= \frac{\mu_{\hat{Z}}}{\sigma_{\hat{Z}}}$$

5 工程实例分析

5.1 工程简介

如图2所示,某铁路路堑边坡是人工开挖形成的土质高边坡,地层由 和 两层粉质粘土组成,第 层厚度为 2.8m,第 层厚度大于 20m。路堑边坡为两级边坡,设计坡率均为 1:0.5,一级坡高 13m,二级坡高 10.21m,一、二级坡之间平台宽度为 2m。工程完工后,该段路堑边坡多处出现滑塌,影响了铁路的正常通车和安全运营。为此,笔者应用本文方法对该段路堑边坡进行了稳定可靠性分析。

5.2 随机变量确定及参数设置

表1为土体物理力学性质指标统计。从中可以看出,这两层土的粘聚力 c 和内摩擦角 ϕ 均存在较大的变异性,而天然容重和饱和容重则变异性很小,因此,可将粘聚力 c 和内摩擦角 ϕ 作为随机变量,而将天然容重和饱和容重作为确定性量考虑,并取其均值作为计算值。同时,假定粘聚力 c 服从对数正态分布,内摩擦角 ϕ 服从正态分布,其统计特性由表1中的均值和标准差确定。采用本文免疫遗传算法搜索最危险滑动面时,滑弧滑出点、滑入点及圆心 x 坐标取值范围分别为 $(-50, 13.6)$, $(13.605, 80)$, $(-400, 40)$ 。算法基本参数设置为:种群最大进化代数为 200,种群规模为 300,基因块数量为 200。为了满足抽样精度要求,一方面,算法采用了对偶变数抽样方差缩减技术,另一方面将随机抽样次数取为 10 万次。

表 1 边坡土层物理力学性质指标统计

Table 1 Statistics of physical and mechanic index in soil slope

土层 编号	统计 项目	粘聚力 c / kPa	内摩擦角	天然容重 / $\text{kN} \cdot \text{m}^{-3}$	饱和容重 / $\text{kN} \cdot \text{m}^{-3}$
	平均值 μ	46.2	24.8	19.0	19.62
	标准差	18.291	7.695	0.120	0.493
	变异系数 v	0.396	0.310	0.063	0.025
	平均值 μ	53.1	27.8	20.3	20.8
	标准差	23.312	8.168	0.081	0.542
	变异系数 v	0.439	0.294	0.040	0.026

5.3 计算结果分析

5.3.1 不考虑土层强度指标的随机影响时

为了分析土体强度指标对土坡稳定性的随机作用效应,先考察没有随机作用影响时该路堑边坡的稳定状态。将土体强度指标参数取为均值,标准差取为 0。计算结果表明,土坡最小稳定安全系数 $F_s = 1.1780$,搜索到的最危险滑动面位置如图 2 所示,滑弧滑出点 x 坐标为 0.002m,滑入点 x 坐标为 16.893m,圆心 x 坐标为 -7.592m。如果采用安全系数作为评价指标,那么该路堑边坡被认为处于稳定状态,即不会发生滑塌。然而,这一结论与实际情况不相符。因此,对于该路堑边坡问题,采用确定性分析方法不能真实反映其实际稳定状态。

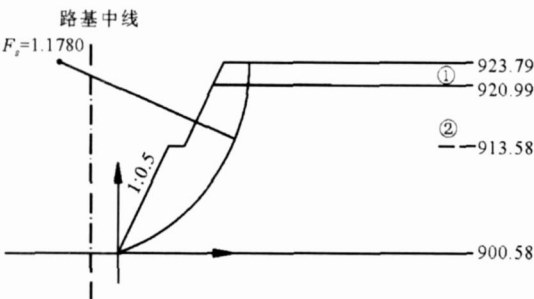


图 2 最危险滑动面位置
Fig 2 Position of the most dangerous slip surface

5.3.2 考虑土层强度指标的随机影响时

表 2 为考虑土层强度指标随机影响时,不同抽样次数情况下计算得到的路堑边坡可靠指标 和失效概率 P_f 。图 3 为根据表 2 中数据绘制的可靠指标和失效概率 P_f 的计算收敛曲线。可以看出,随着抽样次数增加, 和 P_f 逐渐收敛并分别趋于稳定的值,说明算法本身具有较好的计算收敛特性。计算得到

的边坡稳定可靠指标仅为 0.8212,失效概率高达 17.968%。说明本路堑边坡由于土层强度指标的随机影响,其发生失稳破坏的概率非常高。采用蒙特卡罗—免疫遗传算法对该边坡稳定可靠性进行计算分析,结果与实际情况完全相符,验证了本文算法的有效性和分析方法的正确性。

表 2 不同抽样次数可靠指标和失效概率计算结果

Table 2 Calculating results of reliability index and failure probability with different sampling times

抽样次数	1000	2000	5000	10000	20000	50000	100000
可靠指 标	0.9227	0.9174	0.8495	0.8331	0.8211	0.8208	0.8212
失效概率 $P_f / (\%)$	15	15.1	16.64	17.02	18.02	18.032	17.968

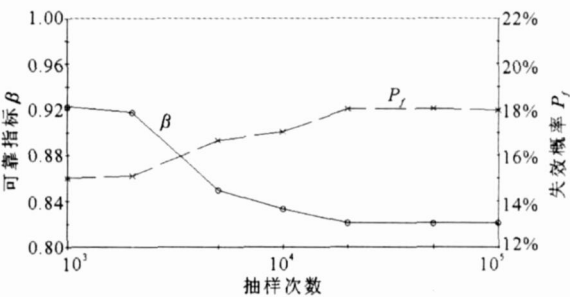


图 3 可靠指标和失效概率的计算收敛曲线
Fig 3 Convergent curves of reliability index and failure probability

6 结 论

在土坡稳定性影响因素随机变异性较大时,采用可靠度分析方法才能更准确地反映土坡的实际稳定程度。本文借鉴疫苗提取、疫苗接种、免疫记忆、基因亲和突变、基因重组等思想提出了一种改进的免疫遗传算法。在此基础上研究了基于本文免疫遗传算法的土坡最危险滑动面搜索方法,并将该方法与蒙特卡罗随机模拟技术相结合,用于土坡稳定可靠性分析。工程实例计算结果表明,本文方法不仅可以有效地搜索到土坡最危险滑动面位置及对应的最小安全系数,而且对于土层强度指标的随机影响也能够很好地予以反映,可靠度计算结果与实际情况完全相符,验证了分析方法的正确性,同时也说明算法本身具有良好的计算收敛特性。

参 考 文 献

- [1] 王磊,潘金,焦李成.免疫算法[J].电子学报,2000,28(7):74~78.
Wang Lei, Pan Jin, Jiao Licheng. The immune algorithm. Chinese Journal of Electronics, 2000, 28(7): 74~78.
- [2] 王磊,潘金,焦李成.免疫规划[J].计算机学报,2000,23(8):806~812.
Wang Lei, Pan Jin, Jiao Licheng. The immune Programming. Chinese Journal of Computers, 2000, 23(8): 806~812.
- [3] Ahmed M. Hassan and Thomas F. Wolff Search algorithm for minimum reliability index of earth slopes[J]. Journal of Geotechnical and Geoenvironmental Engineering, ASCE, 1999, (4): 301~308.
- [4] 张超,杨春和,徐卫亚.尾矿坝稳定性的可靠度分析[J].岩土力学,2004,25(11):1706~1711.
Zhang Chao, Yang Chunhe, Xu Weiya. Reliability analysis of tailings dam stability. Rock and Soil Mechanics, 2004, 25(11): 1706~1711.
- [5] 武清玺.结构可靠性分析及随机有限元法[M].机械工业出版社,2005,84~91.
Wu Qingxi. Structural reliability analysis and stochastic finite element method. China Machine Press, 2005, 84~91.
- [6] Carson M A, Kirkby M J. Hillslope Form and process[M]. Cambridge: Cambridge at the university press, 1972.
- [7] 黄克中,毛善培.随机方法与模糊数学应用[M].上海:同济大学出版社,1987,217~220.
Huang Kezhong, Mao Shanpei. Stochastic method and fuzzy mathematics application. Shanghai: Tongji University Press, 1987, 217~220.