

变的前提下确定土体的黏滞变形 $d\varepsilon_2$ 。因而, 原文式(3)所计算的黏弹性应变增量是 Δt 时段内弹塑性应变的附加应变, 对于所计算的时段而言, $d\varepsilon_{e,\Delta t}^e$ 只与本时段的应力 $\{\delta\}$ 有关, 描述的是 Δt 时段的总黏弹性应变 $d\varepsilon_e$, 与讨论中式(4)的定义不同。

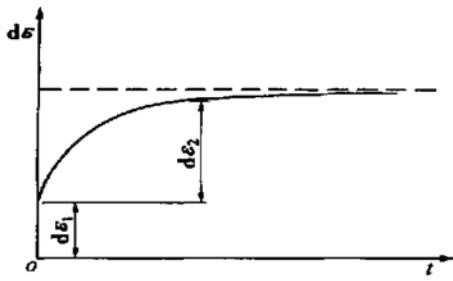


图 1 黏弹性应变为附加应变

Fig. 1 Viscous elastic strain is additional strain

(2) 关于黏滞系数 K_e

原文所建立的固结模型是采用黏弹塑性流变模型和 Biot

固结模型耦合而成, 是一个平面模型, 并非 Merchant 一维固结模型(该模型基于 Terzaghi 固结理论^[4]), 因而黏滞系数不能简单定义为 $K_e = 1/(\mu m_\infty)$ 。理论上, 固结过程中土体的黏滞系数随之变化, 但由于目前并不能准确确定这一过程中 K_e 与有关影响因素的变化关系, 因而一般作为常量处理, 正如其他的模型参数 c, φ, k 等一样。另外, 原文将 $e^{-\frac{t}{K_e}}$ 表示成 $e^{-\frac{t}{K_e}}$ 系笔误, 感谢指正。

参考文献:

- [1] 黄文熙. 土的工程性质 [M]. 北京: 水利电力出版社, 1983.
- [2] 詹美礼, 钱家欢, 等. 软土流变特性试验及流变模型 [J]. 岩土工程学报, 1993, 15(3): 54- 62.
- [3] 孙 钧. 岩土材料流变及其工程应用 [M]. 北京: 中国建筑工业出版社, 1999.
- [4] 赵维炳, 施建勇. 软土固结与流变 [M]. 南京: 河海大学出版社, 1996.

关于“遗传算法在土钉支护结构优化设计中的应用”的讨论

高 玮

(后勤工程学院 土木工程系, 重庆 400016)

中图分类号: TU 942

文献标识码: A

文章编号: 1000- 4548(2002)02- 0265- 01

作者简介: 高 玮(1971-), 男, 陕西人, 博士研究生, 主要从事岩土工程稳定性分析及计算智能在岩土工程中的应用等研究。

学习了贵刊 2001 年第 5 期发表的“遗传算法在土钉支护结构优化设计中的应用”(作者: 贺可强, 阳吉宝, 王胜利, 以下简称“原文”)一文, 颇受启发, 有些疑问提出与原文作者讨论。^{*}

(1) 关于最小稳定系数问题

边坡等的最危险圆弧滑动面位置一般由三个参数确定, 即圆心位置的两个坐标及圆弧半径, 而原文中却只用遗传算法求出了圆心位置的两个坐标, 并没有求出圆弧半径, 应该说此时圆弧滑动面并不能确定出来, 如果圆弧滑动面仅由圆心位置确定, 此时应作滑动面过边坡坡角等一些假设, 而原文中没有。从原文图 1 来看, 原文中似乎隐含了圆弧滑动面过坡角的假设, 如果是, 那么此假设的依据是什么, 是否可取消此假设。笔者认为, 作这样的假设不但限制了方法的应用范围, 而且计算中也是不必要的。

(2) 关于交叉操作问题

遗传算法交叉选择的对象应为交叉双亲对, 且交叉种群一般被两两随机配对。原文中交叉染色体选择方法中没有说明被选择交叉染色体如何配对, 即交叉双亲如何产生。

(3) 关于变异操作问题

原文变异基因的选择方法为: “②如 $r_m < p_m$, 则选择第 m 个基因为变异基因; ③变异染色体序列号为 $(\frac{m}{m_1 + m_2} - 1)$ 的绝对值, 设为 m_1 , 该染色体变异基因的位置是第 $[m_1(m_1 + m_2) - m]$ 个基因。”可见, ②中已选出第 m 个基因为变异基因, 也就是说 m 为变异基因位置, 而 ③中又来计算变异染色体序

列号及变异基因位置, 不知 ②中变异基因为哪个染色体, 两步选择操作似乎很矛盾, 请予解释。而且, 操作 ③中有“变异染色体序列号为 $(\frac{m}{m_1 + m_2} - 1)$ 的绝对值”的说法, 按理序列号应该为整数, 而原文中并没有说明是否为整数, 如为整数, 如何取整; 如不取整, 则原文中变异基因位置计算将成为

$$\left(\frac{m}{m_1 + m_2} + 1\right)(m_1 + m_2) - m = m_1 + m_2$$

这显然是不正确的。

(4) 原文中土钉支护的优化设计问题表示为

$$\min W(L, S_v, S_h, \alpha) \quad \text{基于 } F > F_s$$

可见, W 是 4 个参数 L, S_v, S_h 及 α 的函数, 而原文中给出 W 的表达式为 $W = (L/S_v)S_h$, 其中却无参数 α , 不知何故。

(5) 遗传算法控制参数问题

原文中给出的参数为初始群体规模 10, 交叉概率为 0.25, 遗传算法中主要依靠交叉进行群体模式的组合而找到最优解, 而最优模式的搜索也依赖于初始种群中有效模式的多少。原文中初始种群仅为 10, 笔者认为如此小的种群, 包含的有效模式太少, 很难在较短时间内搜索到最优解; 而且, 原文中的交叉概率也太小, 根据遗传算法的原理, 交叉概率应较大, 有人曾给出经验值为 0.6~0.95, 而原文中如此小的交叉概率, 将会使算法搜索新解空间的能力非常差, 再加上种群规模又很小, 这样的算法能否找到全局最优解, 令人疑惑, 请予解释。

* 收稿日期: 2001- 21- 12