



Piotr Zapert

Wojskowa Akademia Techniczna
Instytut Optoelektroniki
piotrzapert@gmail.com

ZASTOSOWANIE ALGORYTMU GENETYCZNEGO PRZY WYZNACZANIU OPTIMALNEGO ROZMIESZCZENIA SIŁ SŁUŻB ODPOWIEDZIALNYCH ZA ZAPEWNIENIE BEZPIECZEŃSTWA W REJONIE

Streszczenie: W artykule rozpatrzono zagadnienie komputerowego wspomagania optymalizacji rozmieszczenia elementów aktywnych Dziedzinowego Systemu Bezpieczeństwa. Zaprezentowano metodę wyznaczania optymalnego rozmieszczenia z użyciem algorytmu genetycznego przy dokładnym wnioskowaniu wartości składowych wskaźnika oceny rozmieszczeń. Sformułowano przykładowe zadanie optymalizacji rozmieszczenia dwóch elementów aktywnych zapewniających bezpieczeństwo dwóch obiektów ochraniających. Zadanie zostało następnie rozwiązane z użyciem dedykowanej aplikacji J2EE.

Słowa kluczowe: optymalizacja dyslokacji, Dziedzinowy System Bezpieczeństwa, algorytm genetyczny, dokładny system ekspertowy.

Wprowadzenie

Każdy podmiot jest narażony na działanie wielu rodzajów zagrożeń. Dla zapewnienia możliwości jego funkcjonowania, w odniesieniu do każdego z zagrożeń, należy utworzyć system przeciwdziałający jego oddziaływaniom na podmiot. Bezpieczeństwo podmiotu powinno być zatem rozpatrywane dziedzinowo – każdy rodzaj zagrożenia powinien być niwelowany przez dedykowany mu Dziedzinowy System Bezpieczeństwa (DSB).

Ze względów ekonomicznych systemy bezpieczeństwa dziedzinowego są agregowane w służby. Stąd aktualnie wyróżniane w praktyce służby są odpowie-

działne za przeciwdziałanie więcej niż jednemu zagrożeniu. W dalszej części artykułu siły służb odpowiedzialnych za zapewnienie bezpieczeństwa dziedzinowego w rejonie będą nazywane elementami aktywnymi.

Artykuł przedstawia autorską metodę rozwiązania problemu rozmieszczenia punktów obsługi żądań w kontekście zapewnienia bezpieczeństwa w rejonie. Problem ten, jak wskazują ReVelle, Eiselt [2005] jest badany od setek lat. Opracowano wiele modeli optymalnego rozmieszczania, które można podzielić na 3 kategorie [Tarapata, Daleki, 2008]: modele pokrycia, modele p-medianowe i modele p-wyśrodkowane. Ze względu na dużą złożoność obliczeniową problemu przy dużej liczbie rozmieszczanych obiektów zaproponowano szereg algorytmów heurystycznych do jego rozwiązania. Zaproponowano również rozwiązania wykorzystujące algorytmy genetyczne [Aytug, Saydam, 2002; Shavandi, Mahlooji, 2006]. Zaproponowana przez autora metoda pozwala na dynamiczne definiowanie składowych wskaźnika oceny rozmieszczenia punktów obsługi żądań oraz wyznaczanie ich zarówno na podstawie minimalnych, średnich, jak też maksymalnych długości tras oraz czasów dojazdu pomiędzy miejscami zgłoszeń a punktami obsługi żądań. Możliwa jest zatem optymalizacja zarówno zgodna z założeniami modeli p-medianowych, jak też p-wyśrodkowanych. Szczegółowe porównanie prac autora z literaturą światową opublikowano w pracy Kołodziński, Zapert [2013b].

W kolejnych akapitach omówiono dotychczasowe badania autora [Kołodziński, Zapert, 2013b]. Dotychczasowe jego prace były ukierunkowane na wykorzystanie zaawansowanych narzędzi matematycznych i informatycznych do wspomagania pracy analityka bezpieczeństwa regionu.

W pracy Kołodziński, Zapert [2011a] przedstawiono koncepcję wyznaczenia optymalnej, dziedzinowej dyslokacji sił i środków służb, z zastosowaniem dokładnego modelu matematycznego oraz modelu opartego na logice rozmytej. W pracy Kołodziński, Zapert [2011b] zaproponowano metodę wykorzystania dokładnych systemów ekspertowych na podstawie oprogramowania szkieletowego firmy AITECH.

Po opracowaniu koncepcji wykorzystania narzędzi matematycznych i informatycznych rozpoczęto prace nad opracowaniem dedykowanego oprogramowania Systemu Wspomagania Analityka Bezpieczeństwa (SWAB), wspomagającego pracę analityka bezpieczeństwa regionu w zakresie doskonalenia struktury Systemu Bezpieczeństwa. Wyniki prac były na bieżąco prezentowane w publikacjach oraz wystąpieniach na konferencjach związanych tematycznie z zarządzaniem bezpieczeństwem.

W opracowaniu Kołodziński, Zapert [2012c] zaprezentowano moduł SWAB odpowiedzialny za wyznaczanie optymalnego, dziedzinowego rozmieszczenia

elementów aktywnych z wykorzystaniem modelu opartego na dokładnych systemach ekspertowych. Moduł wyznaczania optymalnej, dziedzinowej dyslokacji elementów aktywnych, wykorzystujący model oparty na symulacji komputerowej (rys. 3), przedstawiono w Kołodziński, Zapert [2012b].

We wcześniej opublikowanym artykule [Kołodziński, Zapert, 2011a] przedstawiono moduł programowy SWAB do wyznaczania optymalnego rozmieszczenia elementów aktywnych Systemu Bezpieczeństwa Regionu oparty na logice rozmytej.

Poprawność działania poszczególnych modułów programowych zweryfikowano na tym samym przykładzie (jedna dziedzina – rodzaj zagrożenia, 2 obiekty ochraniające, 2 elementy aktywne z dziewięcioma kombinacjami rozmieszczenia, 2 źródła zagrożeń).

Dzięki modułom programowym SWAB, służącym do wyznaczania optymalnego rozmieszczenia elementów aktywnych Dziedzinowych Systemów Bezpieczeństwa, możliwe było opracowanie modułu wyznaczania wypadkowej dyslokacji elementów aktywnych, uwzględniającej rozmieszczenia dziedzinowe [Kołodziński, Zapert, 2012a, 2013c].

Niniejszy artykuł opisuje model i implementację programową użycia algorytmu genetycznego przy wyznaczaniu optymalnej dyslokacji elementów aktywnych Dziedzinowego Systemu Bezpieczeństwa.

1. Przyjęte oznaczenia

W celu przedstawienia zagadnienia optymalizacji dyslokacji elementów aktywnych DSB przyjęto następujące oznaczenia [www 1]:

- $\mathbf{R} = \{r : r = \overline{1, R}\}$ – zbiór numerów podmiotów dyslokowanych na obszarze odpowiedzialności DSB, którym należy zapewnić pożądany poziom bezpieczeństwa funkcjonowania,
gdzie:
 R – liczba wyróżnionych podmiotów dyslokowanych na obszarze odpowiedzialności DSB,
- $\mathbf{Z} = \{z : z = \overline{1, Z}\}$ – zbiór numerów rodzajów zagrożeń bezpieczeństwa funkcjonowania podmiotów dyslokowanych na obszarze odpowiedzialności DSB,
gdzie:
 Z – liczba wyróżnionych rodzajów zagrożeń bezpieczeństwa podmiotów znajdujących się na obszarze odpowiedzialności DSB,

- $\mathbf{E} = \{e: e = \overline{1, E}\}$ – zbiór numerów elementów aktywnych DSB zapewniających bezpieczeństwo funkcjonowania podmiotów dyslokowanych na obszarze odpowiedzialności DSB,

gdzie:

E – liczba elementów aktywnych DSB,

- $\mathbf{A}_e^{\text{dop}}$ – zbiór dopuszczalnych położeń e -tego elementu aktywnego:

$$\mathbf{A}_e^{\text{dop}} = \{a_{e,1}^{\text{dop}}, \dots, a_{e,b}^{\text{dop}}, \dots, a_{e,B^e}^{\text{dop}}\}, \quad (1)$$

gdzie:

$a_{e,b}^{\text{dop}}$ – współrzędne b -tego dopuszczalnego położenia e -tego elementu aktywnego DSB,

B^e – liczba dozwolonych położeń e -tego elementu aktywnego DSB,

- \mathbf{A} – zbiór możliwych dyslokacji elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$ DSB na pewnym obszarze:

$$\mathbf{A} = \prod_{e=\overline{1,E}} \mathbf{A}_e^{\text{dop}} = \{a_k = (a_k(1), \dots, a_k(e), \dots, a_k(E)) : k = \overline{1, K}\}, \quad (2)$$

gdzie:

k – numer wariantu dyslokacji elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$,

$a_k(e)$ – współrzędne położenia elementu aktywnego o numerze $e \in \mathbf{E}$,

$$a_k(e) \in \mathbf{A}_e^{\text{dop}}$$

K – liczba wyróżnionych wariantów dyslokacji elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$:

$$K = \prod_{e=\overline{1,E}} B^e, \quad (3)$$

- $\mathbf{I} = \{i: i = \overline{1, I}\}$ – zbiór numerów źródeł zagrożeń,

gdzie:

I – liczba elementów aktywnych DSB,

- $q: \mathbf{Z} \times \mathbf{I} \rightarrow \{0, 1\}$,

przy czym:

$$q(z, i) = \begin{cases} 1 - \text{gdy źródło o numerze } i \in \mathbf{I} \text{ ma} \\ \text{możliwość generowania zagrożeń } z \in \mathbf{Z}, \\ 0 - \text{w przypadku przeciwnym} \end{cases}$$

- $\mathbf{I}_z = \{i: q(z, i) = 1, i \in \mathbf{I}\}$ – zbiór numerów źródeł zagrożenia $z \in \mathbf{Z}$ bezpieczeństwa funkcjonowania podmiotów dyslokowanych na obszarze odpowiedzialności DSB,
- \mathbf{W} – wskaźnik oceny jakości wyróżnionych wariantów dyslokacji elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$ -rozwiązań dopuszczalnych rozmieszczenia elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$:

$$\mathbf{W}: \mathbf{A} \rightarrow \mathbf{Y} \subset \mathbf{R}^G, \quad (4)$$

gdzie:

\mathbf{Y} – zbiór wartości ocen jakości dopuszczalnych rozmieszczeń elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$ -rozwiązań dopuszczalnych,

\mathbf{R} – zbiór liczb rzeczywistych,

G – liczba wskaźników oceny jakości dopuszczalnych rozmieszczeń elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$ -rozwiązań dopuszczalnych.

A zatem:

$$\mathbf{W} = (W_1, \dots, W_g, \dots, W_G), \quad (5)$$

przy czym:

W_g – g -ta składowa wskaźnika oceny jakości ustalonego wariantu dyslokacji elementów aktywnych DSB, $W_g \geq 0$. Wartość składowej W_g dla rozwiązania dopuszczalnego $a_k \in \mathbf{A}$ – $W_g(a_k)$ może być wyznaczana:

- przez dokładny system ekspertowy [Kołodziński, Zapert, 2012c],
- z wykorzystaniem symulacji komputerowych [Kołodziński, Zapert, 2012b],
- przez wnioskowanie statystyczne [Kołodziński, Zapert, 2014],
- przez rozmyty system ekspertowy [Kołodziński, Zapert, 2013a].

W praktyce liczba dopuszczalnych rozwiązań zadania optymalizacji jest na tyle duża, że nawet wydajne obliczeniowo maszyny potrzebują nieakceptowalnie dużego czasu na znalezienie optymalnego rozwiązania. Z tego powodu w zadaniach złożonych pod względem ilości rozwiązań dopuszczalnych wykorzystuje się metody niepełnego przeglądu zbioru rozwiązań, jak algorytmy genetyczne czy też programy ewolucyjne [Michalewicz, 2003].

Dyslokacje elementów aktywnych są reprezentowane przez tzw. chromosomy:

$$\mathbf{V} = \{V_1, \dots, V_c, \dots, V_C\}, \quad (6)$$

przy czym:

C – liczba chromosomów w badanej populacji \mathbf{V} ,

V_c – c -ty chromosom w populacji \mathbf{V} , czyli ciąg bitów w postaci:

$$V_c = (v_{c,1} \dots v_{c,e} \dots v_{c,E}), \quad (7)$$

gdzie:

$v_{c,e}$ – ciąg bitów reprezentujący numer dozwolonego położenia e -tego elementu aktywnego w c -tym chromosomie – dyslokacji elementów aktywnych:

$$v_{c,e} = (v_{c,e,1} \dots v_{c,e,s} \dots v_{c,e,S^e}), \quad (8)$$

przy czym:

$v_{c,e,s}$ – s -ty bit w zapisie dwójkowym numeru dozwolonego położenia e -tego elementu aktywnego w c -tym chromosomie – dyslokacji elementów aktywnych, $v_{c,e,s} \in \{0,1\}$,

S^e – liczba bitów wystarczająca do dwójkowej reprezentacji maksymalnego numeru B^e (1) dyslokacji e -tego elementu aktywnego.

Należy zauważyć, że losowo skonstruowany chromosom może reprezentować dyslokację, która nie znajduje się w zbiorze rozwiązań dopuszczalnych \mathbf{A} . Definiuje się zatem funkcję $dop: \mathbf{V} \rightarrow \mathbf{A} \cup \{0\}$ przekształcającą chromosomy $V_c \in \mathbf{V}$ do postaci rozwiązań dopuszczalnych $a_k \in \mathbf{A}$:

$$\begin{aligned} dop(V_c) &= dop(v_{c,1} \dots v_{c,e} \dots v_{c,E}) \\ &= \begin{cases} 0, & \text{jeżeli } \exists_{e \in \mathbf{E}} dec(v_{c,e}) > B^e \\ \left(a_{1,dec(v_{c,1})}^{\text{dop}}, \dots, a_{e,dec(v_{c,e})}^{\text{dop}}, \dots, a_{E,dec(v_{c,E})}^{\text{dop}} \right) & \text{w przypadku przeciwnym} \end{cases} \end{aligned} \quad (9)$$

gdzie:

$dec(v_{c,e})$ – przekształcenie ciągu bitów $v_{c,e}$ na liczbę dziesiętną – numer b dozwolonego położenia $a_{e,b}^{\text{dop}}$ (1), e -tego elementu aktywnego.

Po uwzględnieniu zależności (9) można zdefiniować wskaźnik oceny (5) jakości dyslokacji elementów aktywnych reprezentowanych przez chromosomy populacji \mathbf{V} :

$$\mathbf{W}^{\text{ch}}: \mathbf{V} \rightarrow \mathbf{Y}^{\text{ch}} \subset \mathbf{R}^G, \quad (10)$$

gdzie:

\mathbf{V} – znaczenie jak w (6),

\mathbf{Y}^{ch} – zbiór wartości ocen jakości chromosomów reprezentujących rozmieszczenia elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$,

\mathbf{R} – zbiór liczb rzeczywistych,

G – znaczenie jak w (4).

Niech:

$$\mathbf{W}^{\text{ch}} = (W_1^{\text{ch}}, \dots, W_g^{\text{ch}}, \dots, W_G^{\text{ch}}), \quad (11)$$

przy czym:

G – znaczenie jak w (4),

W_g^{ch} – maksymalizowana, g -ta składowa wskaźnika oceny jakości dyslokacji elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$, dla rozwiązania reprezentowanego przez chromosom V_c :

$$W_g^{\text{ch}}(V_c) = \begin{cases} 0, & \text{jeżeli } dop(V_c) = 0 \\ \frac{W_g(dop(V_c))}{W_g^{\max} - W_g^{\min}}, & \text{jeżeli } dop(V_c) \in \mathbf{A} \text{ oraz } W_g \rightarrow \max \\ 1 - \frac{W_g(dop(V_c))}{W_g^{\max} - W_g^{\min}}, & \text{jeżeli } dop(V_c) \in \mathbf{A} \text{ oraz } W_g \rightarrow \min \end{cases} \quad (12)$$

przy czym:

W_g^{\max} – największa możliwa wartość g -tej składowej wskaźnika (5) jakości rozmieszczenia elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$,

W_g^{\min} – najmniejsza możliwa wartość g -tej składowej wskaźnika (5) jakości rozmieszczenia elementów aktywnych $e \in \mathbf{E}$.

Stosowanie proponowanego algorytmu genetycznego wymaga również wprowadzenia następujących oznaczeń:

- $l^{\text{liczebność_pop}}$ – liczebność populacji – liczba chromosomów reprezentujących dyslokacje elementów aktywnych DSB w jednym kroku algorytmu; jest to wielkość C w (6),
- $l^{\text{liczba_pop}}$ – liczba analizowanych populacji chromosomów,

- p^{kr} – prawdopodobieństwo krzyżowania określające szansę wyboru chromosomu z populacji do krzyżowania z innym chromosomem z tej samej populacji,
- p^{mut} – prawdopodobieństwo mutacji określające szansę, że dany bit ($v_{c,e,s}$ w (8)) zostanie zmieniony (z 0 na 1 lub odwrotnie).

2. Sformułowanie problemu

Zadanie optymalizacji dyslokacji elementów aktywnych DSB w ujęciu klasycznym [Ameljańczyk, 1986] określa się jako trójkę:

$$(\mathbf{A}, \mathbf{W}, M(P)), \quad (13)$$

gdzie:

\mathbf{A} – zbiór rozwiązań dopuszczalnych (2),

\mathbf{W} – funkcja ocen rozwiązań dopuszczalnych (5),

$M(P)$ – model preferencji – strategia wyboru rozwiązań optymalnych.

Zadanie optymalizacji uwzględniające reprezentację rozwiązań dopuszczalnych w postaci chromosomów przedstawia się następująco:

$$(\mathbf{V}, \mathbf{W}^{\text{ch}}, M(P)), \quad (14)$$

przy czym:

\mathbf{V} – zbiór chromosomów reprezentujących rozwiązania dopuszczalne (6),

\mathbf{W}^{ch} – funkcja ocen rozwiązań dopuszczalnych (10),

$M(P)$ – model preferencji – strategia wyboru rozwiązań optymalnych.

3. Metoda rozwiązania

Do rozwiązania problemu optymalizacji rozmieszczenia elementów aktywnych został wytworzony System Wspomagania Analityka Bezpieczeństwa (*SWAB*). Jest to aplikacja typu klient-serwer omówiona w poprzednich publikacjach autora, m.in. w Kołodziński, Zapert [2012c]. Umożliwia on optymalizację zarówno przy całkowitym przeglądzie zbioru rozwiązań dopuszczalnych, jak też optymalizację z użyciem algorytmu genetycznego.

Algorytm genetyczny zastosowany do rozwiązania zadania optymalizacji jest realizowany w krokach przedstawionych poniżej.

1. Stworzenie losowej początkowej populacji chromosomów \mathbf{V} (6) o liczebności $l^{\text{liczebność_pop}}$ (rozdział 1).
2. Ocena chromosomów populacji. Aby móc porównywać wieloskładnikowe oceny jakości chromosomów, wprowadza się maksymalizowaną funkcję zastępczą $F^z : \mathbf{Y}^{\text{ch}} \rightarrow \mathbf{R}$, $F^z \rightarrow \max$:

$$F^z(V_c) = \begin{cases} 0, & \text{jeżeli } dop(V_c) = 0 \\ \sum_{g=1, G} W_g^{\text{ch}}(V_c) & \text{w przypadku przeciwnym} \end{cases}, \quad (15)$$

przy oznaczeniach z (11) i (12).

3. Konstrukcja ruletki dla procesu selekcji. Po dokonaniu oceny wszystkich chromosomów z populacji \mathbf{V} wyznaczone jest całkowite dopasowanie F^{calc} populacji \mathbf{V} :

$$F^{\text{calc}}(\mathbf{V}) = \sum_{V_c \in \mathbf{V}} F^z(V_c), \quad (16)$$

Wyznaczenie całkowitego dopasowania populacji umożliwia obliczenie prawdopodobieństwa wyboru p^{wyb} każdego z chromosomów populacji \mathbf{V} :

$$p^{\text{wyb}}(V_c) = \frac{F^z(V_c)}{F^{\text{calc}}(\mathbf{V})}. \quad (17)$$

Po wyznaczeniu prawdopodobieństw wyboru każdego chromosomu populacji \mathbf{V} obliczane są dla nich dystrybuanty q :

$$q(V_c) = \sum_{t=1}^c p^{\text{wyb}}(V_t). \quad (18)$$

Jak łatwo zauważyć, $q(V_{l^{\text{liczebność_pop}}}) = 1$.

4. Wybór osobników do nowej populacji. Wybór jest realizowany na zasadzie „kręcenia ruletką”. Losowana jest liczba rzeczywista $k^{\text{rul}} \in [0, 1]$, a następnie:
 - jeżeli $k^{\text{rul}} < q(V_1)$, wybierany jest chromosom V_1 ,
 - w przeciwnym wypadku wybierany jest chromosom $V_c : 2 \leq c \leq l^{\text{liczebność_pop}}$, dla którego zachodzi: $q(V_{c-1}) < k^{\text{rul}} < q(V_c)$.

- Oczywiście pewne chromosomy będą wybrane więcej niż raz. Jest to zgodne z tzw. twierdzeniem o schematach, które traktuje, że z najlepszych chromosomów powstaje więcej kopii, ze średnich tyle samo, a najgorsze odpadają.
5. Krzyżowanie chromosomów. Spośród chromosomów nowej populacji V , powstałej w kroku 4. algorytmu, są wybierane chromosomy do krzyżowania. Każdy chromosom może być wybrany z prawdopodobieństwem p^{kr} (rozdział 1). W przypadku nieparzystej liczby wylosowanych do krzyżowania chromosomów należy losowo albo jeden wyrzucić, albo jeden dobrać z pozostałej puli. Punkt krzyżowania jest losową liczbą całkowitą z przedziału od 1 do długości chromosomu. Wylosowane chromosomy są grupowane w pary, po czym następuje wymiana bitów pomiędzy chromosomami w każdej parze. Tak utworzone chromosomy trafiają do populacji V na miejsce ich poprzedników.
 6. Mutacja chromosomów. Każdy bit $v_{c,e,s}$ (8) każdego chromosomu z populacji V (6) może być zmieniony (z 0 na 1 lub odwrotnie) z prawdopodobieństwem p^{mut} (rozdział 1).
 7. Koniec działania, jeśli przeanalizowano l^{liczba_pop} (rozdział 1) populacji chromosomów. W przeciwnym wypadku powrót do punktu 2.

4. Przykład zastosowania algorytmu genetycznego do rozwiązywania zadań Analityka Bezpieczeństwa

4.1. Dane do zadania optymalizacyjnego

W akademickim przykładzie przyjmuje się, że:

- $R = \{1, 2\}$ – w regionie odpowiedzialności DSB znajdują się dwa obiekty ochraniające (oznaczone kołami na rys. 1),
- $Z = \{1\}$ – występuje jeden rodzaj zagrożeń bezpieczeństwa funkcjonowania podmiotów – zagrożenie pożarowe,
- $E = \{1, 2, 3\}$ – podmioty będą chronione przed zagrożeniami przez trzy elementy aktywne,
- $A_e^{dop} = \{a_{e,1}^{dop}, \dots, a_{e,30}^{dop}\}$, $e = \overline{1,3}$ – każdy z elementów aktywnych może być położony w 30 różnych dyslokacjach (sześciiany na rys. 1),
- A – zbiór dopuszczalnych rozmieszczeń elementów aktywnych; jest to zbiór o 27 000 elementów (3) będący iloczynem kartezjańskim zbiorów możliwych położeń A_1^{dop} , A_2^{dop} oraz A_3^{dop} elementów aktywnych DSB (2):

$$A = A_1^{dop} \times A_2^{dop} \times A_3^{dop} = \{a_1, \dots, a_{27000}\}, \quad (19)$$

- chromosom V_c (7) reprezentujący dyslokację elementów aktywnych ma postać:

$$V_c = (v_{c,1} v_{c,2} v_{c,3}), \quad (20)$$

przy czym ciąg bitów reprezentujący numer dozwolonego położenia e -tego elementu aktywnego ($e = \overline{1,3}$) w c -tym chromosomie populacji \mathbf{V} wygląda następująco (8):

$$v_{c,e} = (v_{c,e,1} \dots v_{c,e,5}), \quad (21)$$

ponieważ do zapisu maksymalnego numeru położenia e -tego elementu aktywnego ($\forall_{e=\overline{1,3}} S^e = 30$) wystarczy 5 bitów: 11110; stąd chromosom V_c ma całkowitą długość 15 bitów,

- $\mathbf{I}_1 = \{1, 2\}$ – w regionie odpowiedzialności DSB znajdują się dwa jednorodne źródła zagrożeń o numerze $z = 1$ (trójkąty na rys. 1),
- wskaźnik oceny dyslokacji elementów aktywnych to dwuelementowy wektor:

$$\mathbf{W} = (W_1, W_2), \quad (22)$$

przy czym:

W_1 – minimalizowane prawdopodobieństwo rozprzestrzenienia się pożaru w źródle zagrożenia, wnioskowane przez dokładny system ekspertyzy [Kołodziński, Zapert, 2012c]; przyjmuje wartości wyliczeniowe ze zbioru {„1-małe”, „2-średnie”, „3-duże”},

W_2 – minimalizowany czas udzielenia pomocy osobom znajdującym się w obiektach ochraniających, wnioskowany przez dokładny system ekspertyzy [Kołodziński, Zapert, 2012c]; przyjmuje wartości wyliczeniowe ze zbioru {„1-mały”, „2-średni”, „3-duży”},

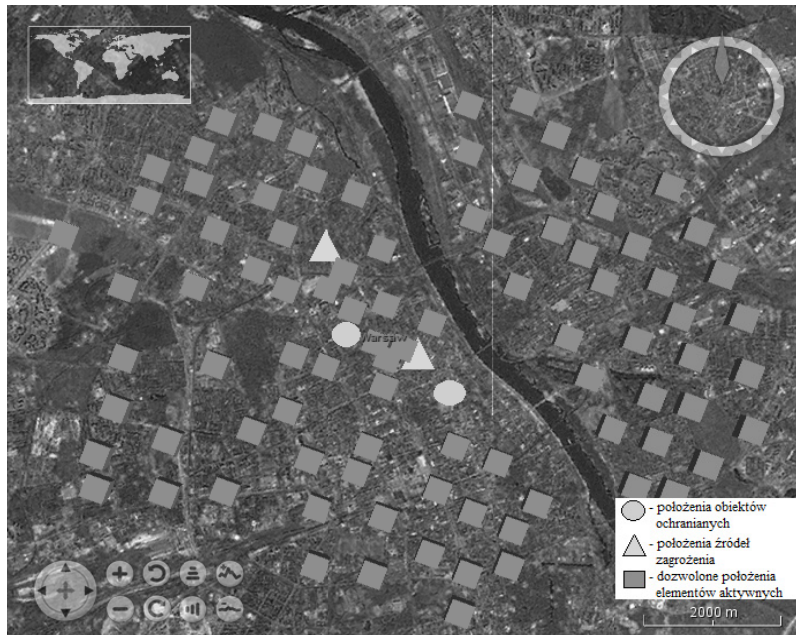
- wskaźnik oceny (11) chromosomów populacji \mathbf{V} ma zatem postać:

$$\mathbf{W}^{\text{ch}} = (W_1^{\text{ch}}, W_2^{\text{ch}}), \quad (23)$$

przy $W_g^{\text{ch}}, g = \overline{1,2}$ zdefiniowanych następująco (12):

$$W_g^{\text{ch}}(V_c) = \begin{cases} 0, & \text{jeżeli } dop(V_c) = 0 \\ 1 - \frac{W_g(dop(V_c))}{3-1}, & \text{jeżeli } dop(V_c) \in \mathbf{A} \end{cases} \quad (24)$$

- lokalizacje obiektów ochraniających $r \in \mathbf{R}$ oraz źródeł $i \in \mathbf{I}_1$ zagrożeń bezpieczeństwa funkcjonowania podmiotów są stałe.



Rys. 1. Ilustracja rozmieszczenia obiektów regionu oraz dopuszczalnych dyslokacji elementów aktywnych

4.2. Sformułowanie zadania optymalizacyjnego

Dla danych określonych w punkcie 4.1 należy wyznaczyć optymalną dyslokację elementów aktywnych DSB. Zadanie to zgodnie z punktem 2 należy zapisać jako trójkę (14):

$$(\mathbf{V}, \mathbf{W}^{\text{ch}}, M(P)), \quad (25)$$

przy czym:

\mathbf{V} – zbiór chromosomów (20) reprezentujących rozwiązania dopuszczalne,

\mathbf{W}^{ch} – funkcja ocen rozwiązań dopuszczalnych (23),

$M(P)$ – model preferencji – strategia wyboru rozwiązań optymalnych.

System *SWAB* przyjmuje model preferencji maksymalizujący sumę znormalizowanych wskaźników jakości oceny rozwiązania. Zastępcza funkcja oceny (15) uwzględniająca przyjęty model preferencji oraz standaryzację wskaźników przedstawia się następująco:

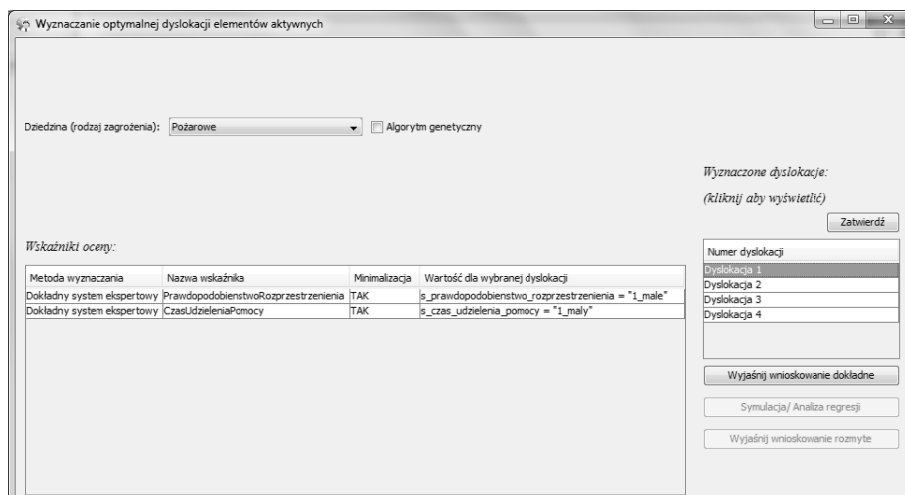
$$F^z(V_c) = \begin{cases} 0, & \text{jeżeli } dop(V_c) = 0 \\ W_1^{\text{ch}}(V_c) + W_2^{\text{ch}}(V_c), & \text{w przypadku przeciwnym} \end{cases}, \quad (26)$$

przy W_1^{ch} i W_2^{ch} zdefiniowanych w (24).

4.3. Metoda rozwiązania zadania optymalizacyjnego

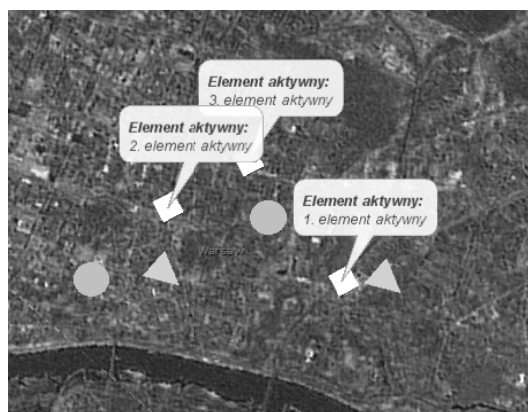
Do systemu *SWAB* zostały wprowadzone bazy wiedzy [Kołodziński, Zapert, 2012c] wyznaczania wskaźnika (23) oceny jakości dyslokacji elementów aktywnych DSB, a także dane zagrożeń i obiektów rejonu przedstawione w punkcie 4.1.

Po uruchomieniu optymalizacji metodą całkowitego przeglądu (rys. 2) *SWAB* znalazł 4 rozwiązania optymalne w czasie 101 sekund.



Rys. 2. Ekran *SWAB* optymalizacji metodą całkowitego przeglądu

Każde z rozwiązań optymalnych ma ocenę (22) $\mathbf{W} = (W_1, W_2) = („1\text{-male}”, „1\text{-maly}”)$. Na rysunku 3 przedstawiono jedną z wyznaczonych optymalnych dyslokacji elementów aktywnych. Jest ona wyświetlana po kliknięciu na wybraną pozycję listy wyznaczonych dyslokacji.

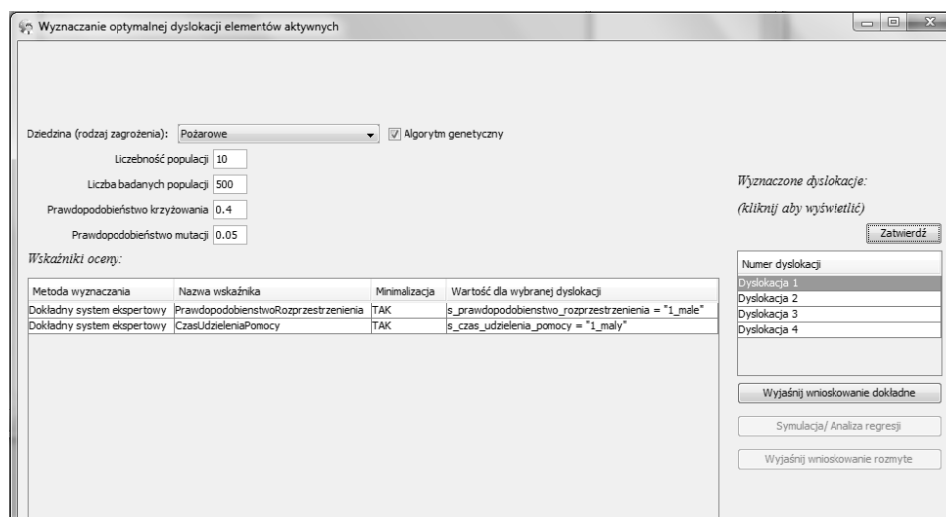


Rys. 3. Ekran *SWAB* wizualizacji optymalnego rozmieszczenia elementów aktywnych

W tabeli 1 zestawiono wyniki optymalizacji z użyciem algorytmu genetycznego (rys. 4) opisanego w rozdziale 3.

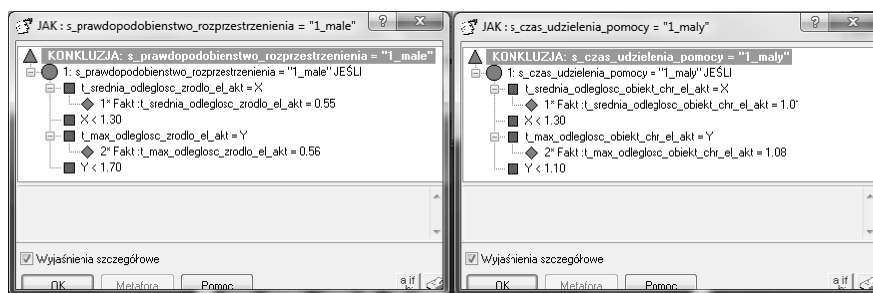
Tabela 1. Zestawienie przykładowych wyników optymalizacji z użyciem algorytmu genetycznego

$f_{liczebność_pop}$	f_{liczba_pop}	p^{kr}	p^{mut}	Liczba znalezionych rozwiązań optymalnych	Czas działania [sekundy]
10	500	0.4	0.01	0	14
10	500	0.4	0.01	1	14
10	500	0.4	0.01	3	18
30	300	0.4	0.01	2	25
30	300	0.4	0.01	3	24
10	500	0.4	0.05	4	14
10	500	0.4	0.05	1	15
10	1000	0.4	0.01	4	40
20	400	0.5	0.03	3	24



Rys. 4. Ekran SWAB optymalizacji z użyciem algorytmu genetycznego

Po wyborze rozwiązania optymalnego użytkownik zyskuje możliwość przesłania sposobu wnioskowania wartości składowych wskaźnika (22) jakości oceny dyslokacji (rys. 5) – po wciśnięciu przycisku „Wyjaśnij wnioskowanie dokładne”.



Rys. 5. Okna systemu SWAB opisujące wnioskowanie wartości składowych wskaźnika (22) dla wybranej optymalnej dyslokacji

Podsumowanie

Z analizy rezultatów działania algorytmu genetycznego wynika, że czas wyznaczania optymalnej dyslokacji jest zależny przede wszystkim od liczby ocenianych chromosomów – iloczynu liczebności i liczby populacji. Losowość operacji w algorytmie powoduje, że znalezienie wszystkich rozwiązań optymalnych nie jest pewne. Takie same parametry algorytmu mogą dawać różne wyniki.

Już przy stosunkowo prostym zadaniu optymalizacji (27 000 rozwiązań dopuszczalnych) czas wyznaczania zboru najlepszych dyslokacji różni się znacząco, co uzasadnia stosowanie tej metody optymalizacji z niepełnym przeglądem zbioru rozwiązań dopuszczalnych.

Literatura

- Ameljańczyk A. (1986), *Optymalizacja wielokryterialna*, Wydział Wydawniczy WAT, Warszawa.
- Aytug H., Saydam C. (2002), *Solving Large-scale Maximum Expected Covering Location Problems by Genetic Algorithms: A Comparative Study*, "European Journal of Operational Research" 159, s. 219-238.
- Kołodziński E., Zapert P. (2011a), *Optymalizacja dyslokacji elementów aktywnych Dziedzinyowego Systemu Bezpieczeństwa Regionu* [w:] Z. Mierczyk, R. Ostrowski (red.), *Ochrona przed skutkami nadzwyczajnych zagrożeń*, tom 2, Wydawnictwo WAT, Warszawa, s. 69-82.
- Kołodziński E., Zapert P. (2011b), *Zastosowanie systemów ekspertowych do wspomaganie zarządzania bezpieczeństwem dziedzinyowym w regionie* [w:] *Narzędzia informatyczne w gospodarce elektronicznej i systemach wspomaganie decyzji. Wybrane zagadnienia*, Wydawnictwo Politechniki Częstochowskiej, Częstochowa, s. 97-106.

- Kołodziński E., Zapert P. (2012a), *Computer-aided Determination of the Optimal Distribution of Services that Guarantee the Security of Entities* [w:] L. Kiełtyka, W. Jędrzejczak, R. Kucęba, K. Smolağ (eds.), *Use of Selected Communication Technologies in Value Management Organization*, The Publishing Office of Częstochowa University of Technology, Częstochowa, s. 101-118.
- Kołodziński E., Zapert P. (2012b), *Symulacyjna metoda wyznaczania optymalnej dyslokacji elementów aktywnych dziedzinowego systemu bezpieczeństwa*, XXVI Międzynarodowa Konferencja Naukowo-Techniczna EKOMILITARIS 2012, „Inżynieria Bezpieczeństwa – Ochrona przed Skutkami Nadzwyczajnych Zagrożeń”, BEL Studio Sp. z o. o., Warszawa, s. 329-340.
- Kołodziński E., Zapert P. (2012c), *System ekspertowy wspomagający analityka bezpieczeństwa regionu* [w:] Z. Mierczyk, R. Ostrowski (red.), *Ochrona przed skutkami nadzwyczajnych zagrożeń*, tom 3, Wydawnictwo WAT, Warszawa.
- Kołodziński E., Zapert P. (2013a), *Rozmyty system ekspertowy wspomagający analityka bezpieczeństwa regionu*, XXVII Międzynarodowa Konferencja Naukowo-Techniczna EKOMILITARIS 2013, „Inżynieria Bezpieczeństwa – Ochrona przed Skutkami Nadzwyczajnych Zagrożeń”, BEL Studio Sp. z o. o., Warszawa, s. 284-302.
- Kołodziński E., Zapert P. (2013b), *O potrzebie i możliwościach komputerowego wspomagania analityka bezpieczeństwa publicznego w regionie* [w:] M. Sitek (red.), *Prawne gwarancje bezpieczeństwa*, Wydawnictwo WSGE, Józefów, s. 9-27.
- Kołodziński E., Zapert P. (2013c), *Optymalizacja wypadkowej dyslokacji elementów aktywnych Rejonowego Systemu Bezpieczeństwa*, Metodologia badań bezpieczeństwa narodowego, tom V, Wydawnictwo Akademii Obrony Narodowej, Warszawa, s. 112-125.
- Kołodziński E., Zapert P. (2014), *Wnioskowanie statystyczne wartości składowych wskaźnika oceny rozmieszczenia elementów aktywnych rejonowego systemu bezpieczeństwa*, materiały XXVIII Międzynarodowej Konferencji Naukowo-Technicznej EKOMILITARIS 2014, „Inżynieria Bezpieczeństwa – Ochrona przed Skutkami Nadzwyczajnych Zagrożeń”, BEL Studio Sp. z o.o., Kościelisko.
- Michalewicz Z. (2003), *Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*, WNT, Warszawa.
- ReVelle C., Eiselt H.A. (2005), *Location Analysis: A Synthesis and Survey*, “European Journal of Operational Research”, 165, s. 1-19.
- Shavandi H., Mahlooji H. (2006), *A Fuzzy Queuing Location Model with a Genetic Algorithm for Congested Systems*, “Applied Mathematics and Computation” 181, s. 440-456.
- Tarapata Z., Daleki Ł. (2008), *Wykorzystanie modeli pokrycia i alokacji zasobów do wspomagania decyzji w działaniach ratowniczych i reagowaniu kryzysowym*, Biuletyn Instytutu Systemów Informatycznych 2, s. 45-47.
- [www 1] Czasopismo internetowe „Zagadnienia Inżynierii Bezpieczeństwa”: E. Kołodziński, *Model Podstawowej Jednostki Organizacyjnej Systemu Bezpieczeństwa Kraju*, 2009, <http://www.ptib.pl/component/remository/?func=fileinfo&id=103> (dostęp: 10.08.2014).

**APPLICATION OF GENETIC ALGORITHM FOR DETERMINING
OPTIMAL DEPLOYMENT OF FORCES RESPONSIBLE
FOR ENSURING SECURITY IN THE REGION**

Summary: Elaboration discusses the issue of computer support for optimising the deployment of active elements of an Domain Security System. It presents method of determining optimal deployment, with use of genetic algorithm, in case of determining values of index of quality evaluation of the deployment with accurate reasoning. An example task of optimising the deployment of active elements protecting two entities has been formulated and solved using developed J2EE application.

Keywords: deployment optimization, Domain Security System, genetic algorithm, accurate expert system.