



POLSKA AKADEMIA NAUK
Instytut Badań Systemowych

**ZASTOSOWANIA INFORMATYKI
W NAUCE, TECHNICIE
I ZARZĄDZANIU**

Redakcja:

Jan Studziński
Ludostław Drelichowski
Olgierd Hryniewicz



**ZASTOSOWANIA INFORMATYKI
W NAUCE, TECHNICE I ZARZĄDZANIU**

Polska Akademia Nauk • Instytut Badań Systemowych

Seria: BADANIA SYSTEMOWE

Tom 41

Redaktor naukowy:

Prof. dr hab. Jakub Gutenbaum

Warszawa 2005

**ZASTOSOWANIA INFORMATYKI
W NAUCE, TECHNICE
I ZARZĄDZANIU**

Redakcja:

Jan Studziński

Ludostław Drelichowski

Olgierd Hryniewicz

Książka wydana dzięki dotacji KOMITETU BADAŃ NAUKOWYCH

Książka zawiera wybór artykułów poświęconych omówieniu aktualnego stanu badań w kraju, w zakresie rozwoju modeli, technik i systemów informatycznych oraz ich zastosowań w różnych dziedzinach gospodarki. Kilka artykułów omawia aplikacyjne wyniki projektów badawczych i celowych Ministerstwa Nauki i Informatyzacji.

Recenzenci artykułów:

Dr inż. Lucyna Bogdan
Prof. dr hab. inż. Ludosław Drelichowski
Prof. dr hab. inż. Olgierd Hryniewicz
Dr inż. Edward Michalewski
Dr inż. Grażyna Petriczek
Prof. dr hab. inż. Andrzej Straszak
Dr inż. Jan Studziński

Komputerowa edycja tekstu: Anna Gostyńska

Copyright © Instytut Badań Systemowych PAN, Warszawa 2005

**Instytut Badań Systemowych PAN
ul. Newelska 6, 01-447 Warszawa**

**Sekcja Informacji Naukowej i Wydawnictw
e-mail: biblioteka@ibspan.waw.pl**

**ISBN 83-89475-03-0
ISSN 0208-8029**



**ZASTOSOWANIA INFORMATYKI
W NAUCE, TECHNICE I ZARZĄDZANIU**

Polska Akademia Nauk • Instytut Badań Systemowych

Seria: BADANIA SYSTEMOWE

Tom 41

Redaktor naukowy:

Prof. dr hab. Jakub Gutenbaum

Warszawa 2005

**ZASTOSOWANIA INFORMATYKI
W NAUCE, TECHNICE
I ZARZĄDZANIU**

Redakcja:

Jan Studziński

Ludostław Drelichowski

Olgierd Hryniewicz

Książka wydana dzięki dotacji KOMITETU BADAŃ NAUKOWYCH

Książka zawiera wybór artykułów poświęconych omówieniu aktualnego stanu badań w kraju, w zakresie rozwoju modeli, technik i systemów informatycznych oraz ich zastosowań w różnych dziedzinach gospodarki. Kilka artykułów omawia aplikacyjne wyniki projektów badawczych i celowych Ministerstwa Nauki i Informatyzacji.

Recenzenci artykułów:

Dr inż. Lucyna Bogdan
Prof. dr hab. inż. Ludosław Drelichowski
Prof. dr hab. inż. Olgierd Hryniewicz
Dr inż. Edward Michalewski
Dr inż. Grażyna Petriczek
Prof. dr hab. inż. Andrzej Straszak
Dr inż. Jan Studziński

Komputerowa edycja tekstu: Anna Gostyńska

Copyright © Instytut Badań Systemowych PAN, Warszawa 2005

**Instytut Badań Systemowych PAN
ul. Newelska 6, 01-447 Warszawa**

**Sekcja Informacji Naukowej i Wydawnictw
e-mail: biblioteka@ibspan.waw.pl**

**ISBN 83-89475-03-0
ISSN 0208-8029**



PROBLEM ALOKACJI OSADZONYCH: ZASTOSOWANIE ALGORYTMU GENETYCZNEGO

Sławomir STRZYKOWSKI

Zaoczne Studia Doktoranckie
Instytut Badań Systemowych, Polska Akademia Nauk

W artykule przedstawiono problem prawidłowej alokacji osadzonych w więzieniu ze względu na konieczność spełnienia wielu obowiązujących zasad. Zaproponowano zastosowanie metodologii algorytmów genetycznych do rozwiązania tego problemu. Rozważono wymagane reguły i ograniczenia alokacji jako podstawę procesu decyzyjnego. Przedstawiono schemat i implementację zaproponowanego algorytmu genetycznego, jak również zaproponowano jego modyfikacje.

Słowa kluczowe: Algorytmy genetyczne, systemy wspomaganie decyzji, alokacja osadzonych.

1. Wstęp

W artykule przedstawiono problem alokacji osadzonych (osób pozbawionych wolności) w zakładzie penitencjarnym (areszcie śledczym lub zakładzie karnym) oraz propozycję zastosowania algorytmu genetycznego do rozwiązania tego problemu.

Konieczność alokowania w odpowiedni sposób osób pozbawionych wolności wewnątrz zakładu penitencjarnego wynika z obowiązujących w tym zakresie przepisów (Szymanowski, Świda, 1998; Zarządzenie nr 19/98).

Za prawidłową alokację osób pozbawionych wolności wewnątrz zakładu penitencjarnego odpowiedzialna jest Służba Więzienna, która zobowiązana jest w tym zakresie do zapewnienia prawidłowego toku postępowania karnego, izolowania grup osób powiązanych (współuczestników przestępstwa) a także zapobieżenia wzajemnej demoralizacji i powrotności do przestępstwa. Te zadania mają na celu umożliwienie realizacji czynności resocjalizacyjno – wychowawczych, zapewnienie osobistego bezpieczeństwa osadzonym oraz zapewnienie bezpieczeństwa w jednostce penitencjarnej.

Prawidłowa realizacja zasad alokacji osób pozbawionych wolności w zakładach karnych i aresztach śledczych jest obecnie niezmiernie trudna. Poniżej wymienione są czynniki, które utrudniają lub wręcz uniemożliwiają alokowanie osadzonych zgodnie z przepisami:

- zaludnienie zakładów karnych i aresztów śledczych (obecnie w ZK / AŚ przebywa ponad 83.000 osadzonych na łączną liczbę 64.000 miejsc);
- duża liczba realizowanych transportów osób pozbawionych wolności;
- niejednoznaczność zasad alokacji osadzonych (źródła prawa i wykładnie);
- brak homogenicznych jednostek penitencjarnych (bardzo często zmieniające się przeznaczenie ZK / AŚ wynikające ze zmieniającej się populacji osadzonych).

Obecnie w Służbie Więziennej wykorzystywane jest oprogramowanie „NOE”, w którego skład wchodzi narzędzie wspomagające alokację osadzonych (Strzykowski, 2003, 2004). System jest jednym z elementów wspomagających podejmowanie decyzji w stosunku do osób pozbawionych wolności (Strzykowski, 2005).

2. Alokacja osadzonych wewnątrz zakładu penitencjarnego

Alokowanie osadzonych odbywa się poprzez ich fizyczne zakwaterowanie w określonym pawilonie, określonym oddziale i określonej celi mieszkalnej. W każdej celi mieszkalnej musi istnieć, przynajmniej jedno, miejsce alokacji osadzonych.

Pawilony składają się z oddziałów. Oddziały składają się z cel mieszkalnych oraz innych pomieszczeń. Miejsce alokacji osadzonego oznaczane jest nazwą pawilonu, nazwą oddziału i numerem celi mieszkalnej. W tabeli przedstawiono przykładową strukturę zakładu penitencjarnego:

Tablica 1. Przykład struktury ZK / AŚ

Pawilon	Oddział	Liczba miejsc	Cela nr	Liczba alokowanych osadzonych	Liczba wolnych miejsc alokacji
I	I	5	0001	3	2
		2	0002	2	0
		3	0003	0	3
	II	2	0001	1	1
		6	0002	4	2
II	I	2	0001	2	0
		4	0002	3	1

Osadzeni mogą być przemieszczani:

- w ramach poszczególnych cel mieszkalnych wewnątrz oddziału,

- w ramach poszczególnych oddziałów należących do określonego pawilonu,
- w ramach poszczególnych pawilonów wchodzących w skład zakładu penitencjarnego.

Jednocześnie, osoby pozbawione wolności mogą być alokowane w innym zakładzie penitencjarnym w wyniku przetransportowania.

W celu zapewnienia prawidłowej realizacji zasad alokacji zawartych w przepisach wykonawczych, zdefiniowane są **reguły alokacji osadzonych**. Reguły określają jednoznacznie kategorie osób pozbawionych wolności, które muszą być alokowane odrębnie (w odrębnych celach mieszkalnych).

Przykładowo, reguła dotycząca statusu prawnego uniemożliwia wspólne alokowanie osadzonych tymczasowo aresztowanych oraz skazanych.

Reguła dotycząca uprzedniej karalności uniemożliwia wspólne alokowanie osób uprzednio karanych i karanych po raz pierwszy.

Oprócz reguł istnieją **ograniczenia alokacji osadzonych**, które określają, jaka kategoria osób pozbawionych wolności musi być zakwaterowana w danym pomieszczeniu mieszkalnym.

Przykładowo, ograniczenie alokacji współuczestników przestępstwa uniemożliwia wspólne zakwaterowanie osadzonych zaliczonych do tej samej grupy osób powiązanych. Ograniczenie alokacji osób zaliczonych do kategorii „niebezpiecznych” nakazuje zakwaterowanie takich osadzonych tylko w wybranych, specjalnie do tego przystosowanych celach mieszkalnych.

Uregulowania zawarte w cytowanych powyżej przepisach prawa wymagają, aby wszystkie reguły i ograniczenia alokacji osadzonych były spełnione równocześnie. Ze względu na występujące przeludnienie większości zakładów penitencjarnych oraz dynamicznie zmieniający się skład populacji osób pozbawionych wolności, spełnienie tego wymagania jest bardzo trudne. Ponadto, istniejące w systemie „NOE” narzędzie wspomagające alokację osadzonych umożliwia wyłącznie znalezienie odpowiedniego (zgodnego z regułami i ograniczeniami) miejsca zakwaterowania dla pojedynczego osadzonego a nie dla całej populacji.

Proponowane rozwiązanie uwzględnia zastosowanie algorytmu genetycznego - jako jednej z metod sztucznej inteligencji – do rozwiązania postawionego zadania: alokacji osób pozbawionych wolności wewnątrz zakładu penitencjarnego.

3. Zastosowanie algorytmu genetycznego

Algorytmy genetyczne to metody rozwiązywania problemów, głównie zagadnień optymalizacyjnych, wzorowane na naturalnej ewolucji. Są to procedury przeszukiwania zbioru rozwiązań oparte na mechanizmach doboru naturalnego

I dziedziczenia, korzystają z ewolucyjnej zasady przeżycia osobników najlepiej przystosowanych.

John Holland (1975) zaproponował algorytm, którego celem było modelowanie procesu ewolucji. Model ten nosi nazwę klasycznego algorytmu genetycznego.

„Algorytm genetyczny wykonuje wielokierunkowe przeszukiwanie przez przekształcanie populacji potencjalnych rozwiązań i prowadzi do zbierania informacji genetycznej i jej wymiany między tymi kierunkami.” (Michalewicz, 1996).

Za cechy charakterystyczne dla algorytmów genetycznych uznaje się między innymi: Pawlak (1999) reprezentowanie osobnika jako łańcucha binarnego, stosowanie operatorów genetycznych (krzyżowanie i mutacja), przekształcanie osobnika z genotypu do fenotypu przed obliczeniem funkcji przystosowania.

Działanie algorytmu polega na realizacji następujących kroków (Arabas, 2001; Rutkowska, i in. 1999):

- Utworzenie losowej populacji osobników;
- Obliczenie funkcji przystosowania każdego osobnika – przystosowanie jest tym wyższe, im wyższą ocenę uzyskuje dany osobnik z punktu widzenia przyjętego kryterium;
- Selekcja osobników;
- Tworzenie potomków - krzyżowanie chromosomów wybranych rodziców. Krzyżowanie może odbywać się poprzez tzw. reprodukcję seksualną, czyli połączenie części chromosomu pochodzącego od jednego z rodziców, z częścią wziętą od drugiego, reprodukcję aseksualną, czyli kombinację porcji chromosomu jednego rodzica lub poprzez kombinację chromosomów pochodzących od trojga lub więcej rodziców;
- Mutacja – która może polegać na zmianie kolejności genów tworzących chromosom. Sposób realizacji mutacji zależy w głównej mierze od tego, jak zbudowany jest chromosom i jakie elementy go tworzą (znaki, liczby, symbole);
- Ocena przystosowania osobników tworzących populację;
- Wybór osobników, które będą tworzyły nową generację.

Dla celów proponowanego rozwiązania przyjęto, że reguły alokacji będą reprezentowane jako atrybuty osadzonego. Atrybuty osadzonego to zespół cech każdej osoby pozbawionej wolności, niezbędnych do zapewnienia prawidłowej alokacji w jednostce penitencjarnej.

W tablicy przedstawiono sposób kodowania atrybutów osadzonego w postaci binarnej.

Tablica 2. Kodowanie reguł

Reguła			Reprezentacja binarna
Atrybut	Status prawny	Tymczasowo aresztowany	1
		Skazany	0
	Karałość	Karany	1
		Nie karany	0
	Wiek	Młodociany	1
		Dorosły	0
	Podkultura	Uczestniczy	1
		Nie uczestniczy	0
	Wyroby tytoniowe	Pali	1
		Nie pali	0

Ponadto przyjęto założenie, że poszczególne atrybuty osadzonego będą reprezentowane w postaci genów, czyli pojedynczej części informacji.

Zespół 5 genów osadzonego, odpowiadających regułom alokacji stanowić będzie **chromosom X**. Chromosom to uporządkowany zbiór genów, rozumiany w algorytmach genetycznych jako binarny ciąg kodowy.

Tablica 3. Przykład kodowania atrybutów osadzonych

Osadzony	Chromosom X				
X_1	1	0	1	0	1
X_2	1	0	1	1	1
X_3	1	1	0	0	1
...
X_n	1	0	0	1	1

Każde pomieszczenie mieszkalne (cela) posiada określone **przeznaczenie**, czyli zespół atrybutów, określających, jaka kategoria osadzonych powinna zostać w niej zakwaterowana. Atrybuty przeznaczenia celi odpowiadają atrybutom reguł alokacji.

Dodatkowo, każda cela posiada **ograniczenia przeznaczenia**, czyli zespół atrybutów określających, jaka kategoria osadzonych musi być w niej alokowana.

W tabeli przedstawiono przyjęty sposób kodowania ograniczeń przeznaczenia celi w postaci binarnej.

Tablica 4. Kodowanie ograniczeń

W celi mogą przebywać			Reprezentacja binarna
Ograniczenie	Wyłącznie osadzeni „niebezpieczni”	Tak	1
		Nie	0
	Wyłącznie osadzeni – współuczestnicy przestępstwa	Tak	1
		Nie	0
	Wyłącznie osadzeni z problemami zdrowotnymi	Tak	1
		Nie	0

Przyjęto założenie, że:

- Poszczególne atrybuty ograniczeń przeznaczenia celi będą reprezentowane w postaci genów;
- Każda cela będzie posiadać dodatkowy **chromosom P**, zawierający atrybuty odpowiednich reguł alokacji,
- Każdy osadzony będzie posiadał dodatkowy **chromosom Y** odpowiadający atrybutom ograniczeń przeznaczenia celi.

Zespół 3 genów osadzonego, odpowiadających atrybutom ograniczeń alokacji stanowić będzie **chromosom Y**.

Tablica 5. Przykład chromosomu Y dla osadzonych

Osadzony	Chromosom Y				
X1	1	0	1	0	1
X2	1	0	1	1	1
X3	1	1	0	0	1
...
X _n	1	0	0	1	1

Zespół 5 genów celi, odpowiadających atrybutom reguł alokacji stanowić będzie **chromosom P**. Zespół 3 genów celi, odpowiadających atrybutom ograniczenia przeznaczenia celi stanowić będzie **chromosom O**.

Tablica 6. Przykład chromosomu P i O dla cel

Cela	Chromosom P					Chromosom O		
C1	1	1	0	0	0	1	0	1
C2	1	0	0	1	0	1	1	1
C3	1	1	1	0	1	0	0	1
...
C _n	1	0	0	1	0	0	1	1

Reasumując, znaczenie poszczególnych chromosomów (fenotypów) jest następujące:

- chromosom X – atrybuty osadzonego;
- chromosom Y – ograniczenia alokacji dla osadzonego;
- chromosom P – przeznaczenie celi;
- chromosom O – ograniczenia alokacji w celi.

Ponadto przyjęto założenie, że geny chromosomu O mogą przybierać wartość * (brak ograniczeń).

Genotyp to inaczej struktura czyli zespół chromosomów danego osobnika. Przyjęto założenie, że genotypem będzie pomieszczenie mieszkalne (cela) składające się z jednej pary chromosomów P i O (występują zawsze) oraz n par chromosomów X i Y (n – kolejny numer osadzonego alokowanego w celi). W skład populacji, czyli zbioru cel o określonej liczebności, gdzie *m* oznacza ilość pomieszczeń mieszkalnych, wchodzą genotypy.

Schemat działania algorytmu genetycznego:

Inicjacja – wybór początkowej populacji osadzonych

Inicjacja czyli utworzenie populacji początkowej polega na wyborze początkowej liczby chromosomów reprezentowanych przez ciągi binarne określonej długości. Do populacji początkowej wejdą wszystkie genotypy (cele mieszkalne).

Ocena przystosowania genotypów w populacji

Jako przystosowanie osadzonego do genotypu przyjęto:

- zgodność chromosomu X z chromosomem P dla każdego genotypu;
- zgodność chromosomu Y z chromosomem O dla każdego genotypu.

Stwierdzenie 1: *Im większa zgodność poszczególnych genów par chromosomów X do P oraz Y do O, tym większa funkcja przystosowania osadzonego do genotypu.*

Potwierdzenie 2: *Im większe przystosowanie genotypów w populacji, tym większe przystosowanie populacji.*

Sposób obliczania funkcji przystosowania:

1. Dla każdego osadzonego:

Dla każdego genu w łańcuchu chromosomu X badana jest zgodność z odpowiednim genem chromosomu P.

Jeżeli geny są identyczne to wartość przystosowania dla tej pary genów wynosi 1, w przeciwnym wypadku wynosi zero;

$$ident_{X_j^i P_j^g} = X_j^i P_j^g \quad (1)$$

gdzie:

- i – i - ty osadzony,
- j – j - ty bit w chromosomie,
- g – g - ty genotyp

2. Dla każdego osadzonego:

Dla każdego genu w łańcuchu chromosomu Y badana jest zgodność z odpowiednim genem chromosomu O. Jeżeli geny są identyczne to wartość przystosowania dla tej pary genów wynosi 1, w przeciwnym wypadku wynosi zero;

$$ident_{Y_j^i O_j^g} = Y_j^i O_j^g \quad (2)$$

Jeżeli w celi istnieje puste (nie zajęte miejsce) to wartość funkcji przystosowania nie jest obliczana. Puste miejsce w celi oznaczane jest symbolem X.

3. Obliczana jest suma zgodności bitów dla poszczególnych par chromosomów

$ident_i$:

$$ident_i = \sum_{j=1}^n ident_{X_j^i P_j^g} + \sum_j^n ident_{Y_j^i O_j^g} \quad (3)$$

gdzie:

$n = 8$, ilość bitów w chromosomach P i O

4. Obliczane jest średnie przystosowanie osadzonego $eval_i$:

$$eval_i = \frac{eval_i}{n} \quad (4)$$

5. Obliczane jest średnie przystosowanie genotypu $eval_g$:

$$eval_g = \frac{\sum_{i=1}^m eval_i}{m} \quad (5)$$

gdzie:

m - ilość osadzonych w genotypie

6. Obliczane jest średnie przystosowanie populacji $eval_p$:

$$eval_p = \frac{\sum_{l=1}^k eval_g}{k} \quad (6)$$

gdzie:

l - l - ty genotyp w populacji

k - ilość genotypów w populacji

Uogólniając powyższe wzory:

$$eval_p = \frac{\sum_{i=1}^m \left(\frac{\sum_{j=1}^n eval_i}{n} \right)}{m} \quad (7)$$

Funkcja celu to maksymalizowanie $eval_p$.

Zakłada się badanie zmienności funkcji celu. Ponadto planuje się wykorzystanie w rozwiązaniu odległości Hamminga (*Hamming distance*) jako miary odmienności dwóch ciągów (chromosomów) o takiej samej długości, wyrażającą liczbę miejsc (genów), na których te dwa ciągi się różnią.

Warunek zatrzymania

Warunek zatrzymania będzie określany jako wartość z przedziału (0,1] i oznaczać będzie zakładany wymagany poziom przystosowania populacji $reqeval_p$

Ustawienie wartości na 1 oznaczać będzie żądanie maksymalnej zgodności alokacji osadzonych..

Przyjęto założenie, że wartość ustawiana będzie przez użytkownika.

Selekcja genotypów do krzyżowania

Do krzyżowania zostaną wybrane wszystkie genotypy (cele), których wartość przystosowania jest mniejsza od $eval_p$. Genotypy, dla których został osiągnięty $eval_p$ nie będą podlegały selekcji, ponieważ zakwaterowani w niej osadzeni są alokowani zgodnie z przyjętymi założeniami.

Sposób tworzenia par rodzicielskich oraz określenia punktu przecięcia (locus)

1. Do krzyżowania zostanie wybrana parzysta liczba genotypów. Jeżeli istnieje nieparzysta liczba genotypów, zostanie losowo (funkcja randomizująca z przedziału 1 do m , gdzie m = liczba genotypów) wybrany 1 genotyp, który zostanie wykluczony z selekcji;
2. następnie zostaną losowo utworzone pary rodzicielskie; dla każdej pary rodzicielskiej zostanie losowo określony punkt przecięcia (locus – odcięcie z lewej strony) z przedziału $[1... i]$, gdzie i oznacza najmniejszą ilość miejsc zakwaterowania w parze genotypów;

Przyjęto założenie, że krzyżowaniu podlegać będą chromosomy X oraz Y. Chromosomy P oraz O pozostaną bez zmian, ponieważ te chromosomy określają przeznaczenie i ograniczenia celi. Geny przeznaczenia celi podlegać będą mutacji, natomiast ograniczenie celi pozostanie bez zmian.

3. nastąpi krzyżowanie;
4. zostanie obliczone $ident_i$ oraz $eval_i$;
5. zostanie obliczone $eval_g$;
6. zostanie sprawdzony warunek zatrzymania.

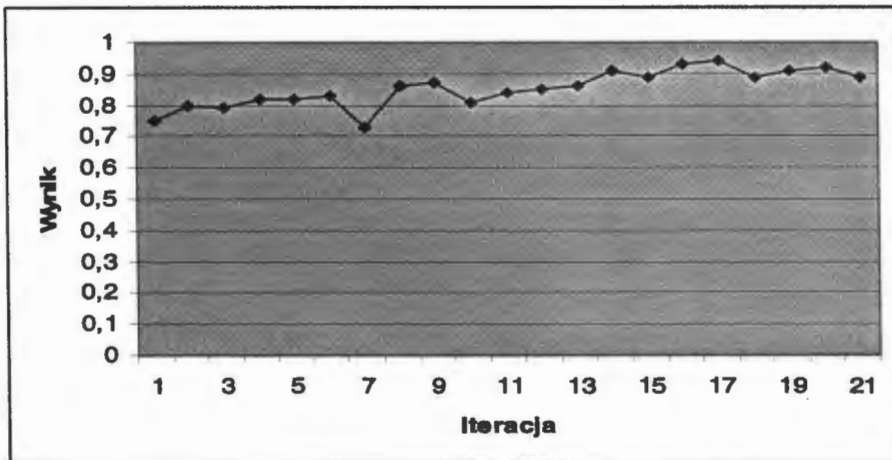
Mutacja chromosomów

Dla każdej wylosowanej pary genotypów nastąpi losowe wybranie genu chromosomu P do mutacji.

Po mutacji zostanie ponownie obliczona wartość $ident_i$, $eval_g$ oraz $eval_p$.

Następnie zostanie sprawdzony warunek zatrzymania. Jeżeli warunek nie został spełniony, nastąpi ponowna selekcja genotypów.

Otrzymane w kolejnych iteracjach wyniki prezentowane będą w postaci graficznej.



Rysunek 1. Przykład wyników w postaci graficznej

Po zatrzymaniu działania algorytmu genetycznego zostanie dokonana analiza otrzymanych w każdej iteracji wyników oraz badanie zmienności funkcji celu.

4. Implementacja algorytmu genetycznego

Przedstawiona propozycja zastosowania algorytmu genetycznego wymagać będzie implementacji w postaci aplikacji.

W aplikacji zostanie utworzona struktura wirtualnego zakładu penitencjarnego, składającego się z jednego pawilonu, w którym znajdują się dwa oddziały mieszkalne:

- W oddziale I utworzone zostanie m miejsc alokacji osadzonych;
- W oddziale II utworzone zostanie n miejsc alokacji osadzonych.

Łańcuchy chromosomów P i O dla każdego genotypu zostaną ustalone poprzez użycie funkcji randomizującej.

W wirtualnym zakładzie penitencjarnym zostanie losowo alokowanych x osadzonych w taki sposób, aby zaludnienie wynosiło powyżej 96 %. Umożliwi to odwzorowanie faktycznej sytuacji występującej w większości zakładów karnych I aresztów śledczych. Atrybuty i ograniczenia osadzonego zostaną ustalone poprzez użycie funkcji randomizującej.

Wielokrotne uruchomienie algorytmu genetycznego dla losowo utworzonej populacji osób pozbawionych wolności pozwoli na przedstawienie wyników obliczeniowych oraz dokonanie oceny przydatności rozwiązania do zastosowania w praktyce.

Interfejs użytkownika umożliwiać będzie uruchomienie i śledzenie przebiegu działania algorytmu.

Rysunek 2. Przykład interfejsu implementującego algorytm genetyczny

Wyniki prezentowane będą w postaci zbioru danych i wskazywać propozycje zmian w alokacji osadzonych.

Tablica 7. Przykład zbioru danych wskazujących zmiany w alokacji osadzonych

Osadzony	Obecne miejsce alokacji			Miejsce alokacji po zastosowaniu algorytmu		
	Pawilon	Oddział	Cela	Pawilon	Oddział	Cela
O_1	I	I	001	II	I	008
O_2	II	I	003	I	II	003
O_3	I	II	005	II	II	013
...
O_n	I	II	013	II	II	001

5. Zakończenie

Przedstawiony w artykule problem oraz propozycja zastosowania algorytmu genetycznego do wspomaganiania alokowania osób pozbawionych wolności wewnątrz zakładu penitencjarnego stanowić będzie treść, przygotowywanej przez autora,

pracy doktorskiej. W artykule jedynie zasygnalizowano problemy związane z prawidłowym alokacją oraz przedstawiono uproszczony schemat działania algorytmu. W pracy szczegółowo omówione zostaną wybrane reguły i ograniczenia alokacji oraz sposób maksymalizowania funkcji celu. Ponadto, przedstawiona zostanie propozycja zastosowania innych metod sztucznej inteligencji do rozwiązania postawionego problemu - w szczególności logiki rozmytej do ustalania wymaganego poziomu przystosowania populacji i wag poszczególnych reguł.

Literatura

- Arabas J. (2001) *Wykłady z algorytmów ewolucyjnych*. WNT, Warszawa.
- Holland J.H. (1975) *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. Ann Arbor University of Michigan Press.
- Michalewicz Z. (1996) *Algorytmy genetyczne + struktury danych = algorytmy ewolucyjne*. WNT, Warszawa.
- Pawlak M. (1999) *Algorytmy ewolucyjne jako narzędzie harmonogramowania produkcji*. PWN, Warszawa.
- Rutkowska D., Piliński M., Rutkowski L. (1999) *Sieci neuronowe, algorytmy genetyczne i systemy rozmyte*. PWN, Warszawa.
- Strzykowski S. (2004) Algorytm rozmieszczania osób pozbawionych wolności "Avalon" w komputerowym systemie ewidencji skazanych i tymczasowo aresztowanych "Noe". *Analiza systemowa w finansach i zarządzaniu. Wybrane problemy*, 6. Warszawa.
- Strzykowski S. (2003) Komputerowy system ewidencji skazanych i tymczasowo aresztowanych „NOE” jako przykład systemu ekspertowego. *Analiza systemowa w finansach i zarządzaniu. Wybrane problemy*, 5. Warszawa.
- Strzykowski. S. (2005) System tworzenia i aktualizacji dostępu do informacji o skazanych elementem wiedzy w zwalczaniu przestępczości. *Studia i materiały Polskiego Stowarzyszenia Zarządzania Wiedzą*, 4, Bydgoszcz.
- Szymanowski T., Świda Z. (1998) *Kodeks Karny Wykonawczy. Komentarz*. Wydawnictwo Liberata.
- Zarządzenie Nr 19/98/ CZSW Ministra Sprawiedliwości z dnia 27 sierpnia 1998 r. w sprawie czynności administracyjnych związanych z wykonywaniem tymczasowego aresztowania i kar oraz środków przymusu skutkujących pozbawieniem wolności, Dz. Urz. Min. Sprawiedl. Nr 3 poz. 13, z 2000 r. Nr 2, poz.8, z 2001 r. Nr 1, poz.3.

ALLOCATION OF PRISONERS: GENETIC ALGORITHM APPLICATION

In the article, the problem of prisoners' allocation inside a prison or detention centre is presented. The application of genetic algorithms to support prisoners' allocation is described. Rules and constraints of allocation are considered as the main factors of proper decision processes. A schema of genetic algorithm and a way of implementation are presented as well as further researching routine.

Keywords: DSS, genetic algorithms, pPrison Service, prisoners' allocation

**Jan Studziński, Ludosław Drelichowski, Olgierd Hryniewicz
(Redakcja)**

**ZASTOSOWANIA INFORMATYKI
W NAUCE, TECHNICE I ZARZĄDZANIU**

Monografia zawiera wybór artykułów dotyczących informatyzacji procesów zarządzania, prezentując bieżący stan rozwoju informatyki stosowanej w Polsce i na świecie. Zamieszczone artykuły opisują metody, algorytmy i techniki obliczeniowe stosowane do rozwiązywania złożonych problemów zarządzania, a także omawiają konkretne zastosowania informatyki w różnych sektorach gospodarki. Kilka prac przedstawia wyniki projektów badawczych Ministerstwa Nauki i Informatyzacji, dotyczących rozwoju metod informatycznych i ich zastosowań.

ISBN 83-89475-03-0

ISSN 0208-8029

**W celu uzyskania bliższych informacji i zakupu dodatkowych egzemplarzy
prosimy o kontakt z Instytutem Badań Systemowych PAN
ul. Newelska 6, 01-447 Warszawa
tel. 837-35-78 w. 241 e-mail: biblioteka@ibspan.waw.pl**