

REPRESENTAÇÕES E OPERADORES EM UM ALGORITMO GENÉTICO PARA MAXIMIZAÇÃO DA COBERTURA DE RADARES

Carmen Lúcia Ruybal dos Santos

Instituto de Estudos Avançados - Centro Técnico Aeroespacial (CTA)

Caixa Postal 6044

12.231-970 São José dos Campos, SP – Brazil

carmenl@ieav.cta.br

Luiz Sérgio Heinzelmann

Instituto de Estudos Avançados - Centro Técnico Aeroespacial (CTA)

Caixa Postal 6044

12.231-970 São José dos Campos, SP – Brazil

heinzelm@ieav.cta.br

Francisco de Mattos Brito Junior

Instituto Tecnológico da Aeronáutica - CTA

Caixa Postal 6044

12.231-970 São José dos Campos, SP – Brazil

mattosbrito@hotmail.com

Resumo

A região de cobertura de um radar pode ser entendida como a área na qual uma aeronave, voando a uma dada altitude, encontra-se passível de detecção. Esta área depende, principalmente, da posição em que o radar se encontra e do relevo de seu entorno. Este trabalho consiste no emprego de algoritmos genéticos para a determinação do posicionamento ótimo de um conjunto de radares, de modo a maximizar a área por eles coberta. O trabalho estende esforços anteriores, em que se abordava uma das anomalias aqui tratadas (a presença de informações repetidas no genótipo), agora considerando-se não apenas a geração inicial, e utilizando uma nova representação para as soluções avaliadas. O tratamento das anomalias é realizado pelo emprego de uma função de penalização, e de operadores genéticos específicos.

Palavras-Chaves: Problemas de Cobertura Máxima; Algoritmo Genético; Computação Evolutiva; Métodos de Buscas Heurísticos.

Abstract

The region covered by a radar can be understood as the area in which an aircraft, flying at a given altitude, becomes subject to detection. It depends mostly on the position in which the radar is located and its surrounds. This work consist in apply a genetic algorithm to determine the best location for a set of radar in a way as to maximize the area covered by them. The work extends previous efforts, that approached one of the anomalies presented here (the presence of information repeated in the genotype), now considering not only the initial generation, and using a new representation for the evaluated solutions. The treatment of the anomalies is achieved by a penalty function and specific genetic operators.

Keywords: Maximal Covering Location Problem; Genetic Algorithm; Evolutionary Computation; Heuristic Search Methods.

1. Introdução

A vigilância aérea é uma atividade importante para a defesa de um país, especialmente para um país com vasta extensão territorial como o Brasil. Importantes investimentos têm sido feitos nos últimos anos nesta área, como atesta o projeto do Sistema de Vigilância da Amazônia (SIVAM), cujo objetivo é controlar o espaço aéreo amazônico. Para monitorar um total de 5,2 milhões de metros quadrados são empregados satélites, aviões, radares fixos, móveis e embarcados, além de estações de recepção de imagens e mais de 200 plataformas de coletas de dados.

A complexidade do cenário descrito motiva a busca por técnicas capazes de traçar estratégias ótimas de cobertura para a operação conjunta de radares de tipos e características distintas. O tratamento do problema inclui a determinação dos melhores pontos para posicionamento dos radares fixos e móveis e a determinação de rotas mínimas que completem o mapeamento por meio de radares aerotransportados.

Aqui são descritos os esforços realizados na compreensão deste problema, em particular, no que se refere ao posicionamento de um conjunto de radares. Trata-se de um problema de cobertura, mais especificamente, um problema de localização de cobertura máxima [1-3], que, genericamente, consiste em determinar e localizar um número de facilidades, no caso, os radares, necessários para cobrir uma condição de demanda. Tal demanda pode ser especificada de formas distintas, como por exemplo, em termos da proteção a pontos considerados sensíveis, ou da maximização da região coberta. No contexto geral da aplicação, o objetivo final é definir um posicionamento ótimo dos radares de forma a obter-se uma cobertura que garanta que as ações de defesa cabíveis, como o emprego de aeronaves de interceptação ou engajamento de baterias antiaéreas, possam se realizar em um período mínimo de tempo.

Os problemas de cobertura são considerados problemas de otimização combinatorial do tipo NP-hard [4], ou seja, computacionalmente difíceis ou complexos, para os quais vários algoritmos, tanto heurísticos quanto exatos, vêm sendo apresentados na literatura. Especificamente no caso dos algoritmos genéticos verificou-se uma diversidade de trabalhos, tais como [5-7]. Recentemente, algoritmos genéticos paralelos vêm sendo utilizados para melhorar a qualidade e o tempo computacional da solução obtida [8].

Este trabalho utiliza-se de algoritmo genético para resolução do problema de alocação de um conjunto de n radares visando a maximização da área por eles coberta. Na resolução do problema assume-se a existência de um elenco pré definido de m localizações possíveis, sendo $m > n$. Esta formulação difere um pouco das abordagens convencionais do problema, usualmente técnicas como a programação linear que, mais comumente, pressupõem a existência de um conjunto de pontos de demanda a serem cobertos.

A seguir apresentam-se o modelo criado, os experimentos conduzidos e os resultados obtidos. O trabalho conclui com a apreciação do potencial das representações e dos operadores escolhidos, e com a sugestão da agenda a ser seguida nos trabalhos futuros.

2. Resolução do Problema

A região de cobertura de um radar pode ser entendida como a área sobre a qual uma aeronave, voando a dada altitude, encontra-se passível de detecção. Esta simplificação permite que o volume real de cobertura possa ser tratado como uma região delimitada no plano, onde o ponto de corte é determinado pela altura fixa que, assume-se, a aeronave incursora mantenha em relação ao solo. A região de cobertura obtida é função, principalmente, da posição em que o radar se encontra e do relevo no seu entorno. Embora fatores tais como a acessibilidade do local sejam relevantes para a instalação e manutenção de

um radar, eles não são, neste momento, considerados, levando-se em conta na otimização apenas a geometria do terreno estudado.

A resolução do problema assume que diferentes posições serão avaliadas até que um subconjunto, que maximize a região coberta, seja escolhido. Embora a idéia inicial tenha sido a de permitir que o processo evolutivo identificasse as posições mais promissoras a partir da livre exploração da região de interesse, isto implicaria no cálculo da área de cobertura para cada nova escolha efetuada. Este cálculo, que requer a utilização do modelo de elevação do terreno da região estudada, é custoso devido ao volume das informações envolvidas, tendo impacto considerável no tempo de execução do processo evolutivo.

A fim de garantir-se um menor tempo computacional, optou-se pela especificação prévia de um conjunto de posições candidatas, para as quais as áreas de cobertura são calculadas anteriormente a otimização. Um índice é utilizado para identificar cada uma destas posições. As posições são escolhidas pelo usuário, de forma manual ou automática. No modo manual o usuário seleciona os pontos um a um, sendo que o modo automático exige apenas que sejam informadas cotas fixas, em x e em y , usadas para especificar pontos igualmente espaçados, que formam uma grade sobre a região de interesse. Para a realização desta tarefa utilizou-se um sistema computacional independente, denominado SADCRAM, que, a partir do modelo de elevação do terreno e das coordenadas e dados característicos de cada radar, determina sua envoltória de visibilidade. A Figura 1 ilustra esta etapa do processo. Muito embora a abordagem adotada acelere a busca, ela limita a exploração ao conjunto de pontos especificados, fato a ser melhor avaliado nos trabalhos futuros.

Um indivíduo representa uma possível solução para o problema, neste caso um vetor n números inteiros, correspondentes aos índices das posições candidatas. Nos experimentos conduzidos as avaliações tiveram por objetivo, principalmente, analisar e controlar o impacto de anomalias na especificação dos indivíduos. Como o objetivo final é o de se obter a informação referente às melhores posições para se colocar um conjunto de n radares é interessante que o processo evolutivo se concentre na exploração desta dimensionalidade de espaço, evitando avaliar indivíduos que contenham um total de posições diferente do almejado, ou ainda indivíduos com posições repetidas. Em [9] constatou-se a relevância de se ter indivíduos bem formados na geração inicial e, nesta etapa, a análise é estendida e concluída para as representações aqui adotadas, através do emprego de funções de penalização e operadores que impedem a introdução de distorções ao longo do processo evolutivo.

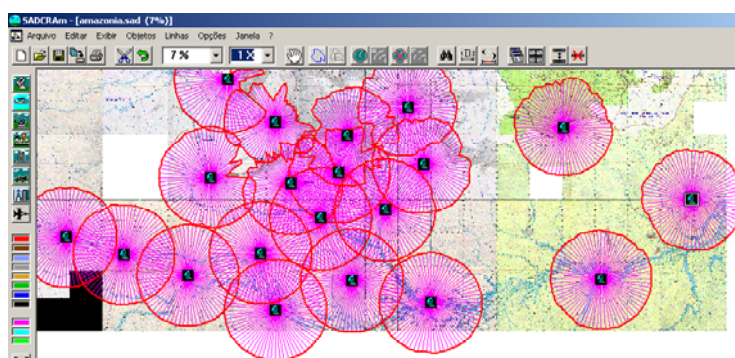


Figura 1. Regiões de cobertura de 20 radares manualmente selecionados.

2.1 Função de Avaliação

A função de avaliação a ser utilizada pelo algoritmo genético é uma função de minimização, baseada na somatória das áreas individuais, subtraídas as sobreposições

existentes. Para determinar a área de uma superfície, tendo informações da curva que a compõe, utilizou-se o teorema de Green no plano:

$$\oint Pdx + Qdy = \iint \left(\frac{\partial Q}{\partial x} + \frac{\partial P}{\partial y} \right) dx dy \quad \text{Equação 1- Teorema de Green}$$

Como se pode observar, o primeiro membro da equação recebe as informações sobre a curva que determina a região, e o segundo membro caracteriza a superfície em si. Fazendo uma translação de modo que P seja igual a y e Q igual a 0, obtêm-se a seguinte simplificação:

$$\oint ydx = \iint dx dy = Area \quad \text{Equação 2- Green modificado}$$

onde, a primeira parte da equação é uma integral circular em uma superfície fechada y que é igual à área rodeada por esta mesma superfície. Como a superfície é determinada pelos seus pontos, uma boa aproximação seria ligar esses pontos dois a dois por meio de retas (é dessa forma que o SADCRAm desenha a superfície). Substituindo a Equação 2 na equação da reta no plano tem-se:

$$Area = \oint (ax + b) dx \quad \text{Equação 3 - Equação final utilizada}$$

Os parâmetros a e b são facilmente determinados pelos pontos, já que por dois pontos distintos passam uma única reta.

Como pode ser visto na Figura 1 as coberturas dos radares podem se sobrepor, fato este a ser considerado na determinação da área de cobertura conjunta. De modo a simplificar as análises neste momento, isto foi implementado subtraindo de cada conjunto de dois radares analisados, a área sobreposta considerando que suas superfícies de cobertura fosse exatamente circulares (área do setor circular). O cálculo dessa área é simples e depende somente dos pontos de centro das circunferências, isto é., as coordenadas de posicionamento dos radares, e do raio das circunferências, que, no momento, é fixo.

A função de avaliação é então dada por:

$$F = \frac{1}{cobertura}$$

$$cobertura = \sum_{i=1}^N (A_i) - S$$

Equação 4 – Função de avaliação

sendo A_i a área de cobertura de cada radar e S o total aproximado das sobreposições existentes. Se esta diferença for menor ou igual a 0 então F assume o valor fixo 10, valor este escolhido por meio de um conjunto de execuções prévias para refinamento dos parâmetros do algoritmo genético.

Para especificação do algoritmo genético empregou-se o “Genetic Algorithm Toolbox” [10], biblioteca gratuita desenvolvida na Universidade de Sheffield para o software Matlab. As simulações que se seguem foram feitas a partir de dois conjuntos de dados distintos, um referindo-se a um conjunto de 20 localizações, dentre as quais se deseja escolher as melhores para se colocar um conjunto de 5 radares, e outra, referindo-se a um conjunto de 100 localizações, nas quais se deseja escolher as 20 melhores posições. O primeiro conjunto é denotado por configuração 20×5 e o segundo por configuração 100×20 .

3. Resultados

Uma vez determinado o tipo de informação que se deseja para cada indivíduo, o passo seguinte refere-se à codificação de seu genótipo. A biblioteca utilizada oferece dois tipos de representações para os genótipos, binária e real, com operadores de mutação e cruzamento definidos para cada tipo de representação existente. Ambas formas de representação foram utilizadas, cada nova avaliação requerendo a tradução do genótipo existente para o fenótipo inteiro correspondente.

Objetivando um processo evolutivo mais controlado foi calculado, exaustivamente, o valor ótimo para a configuração de 20×5, a partir de todas as combinações de posicionamento possíveis, que perfazem um total de 15504 possibilidades (combinação de 20, 5 a 5). Este valor ótimo foi utilizado então como critério de parada para o algoritmo genético. Com exceção da Seção 4, as seções que se seguem apresentam resultados referentes a esta configuração do problema.

Independentemente da codificação empregada, utilizou-se uma população de 100 indivíduos, a serem evoluídos por no máximo 100 gerações, ou até a solução ótima ser encontrada. Todas as avaliações são apresentadas tomando-se por base as informações relativas ao conjunto formado pelo melhor indivíduo em um conjunto de execuções realizadas.

A aptidão destes indivíduos é descrita em termos dos valores de Tempo Mínimo e Tempo Máximo que indicam, respectivamente, o menor e o maior número de gerações decorridas, até a obtenção da solução esperada para o conjunto de execuções com sucesso. Adicionalmente, as grandezas Tempo Médio e Desvio Padrão referem-se, analogamente, à média e ao desvio padrão destes mesmos tempos. Os valores Total de Sucessos e Total de Falhas referem-se ao número de execuções em que o valor ótimo foi, ou deixou de ser, alcançado.

3.1 Genótipo com Representação Binária

Nesta representação um genótipo binário, de 20 bits, é utilizado para representar cada uma das localizações consideradas. O conjunto de posições é especificado pela presença de valores 1 no genótipo, sendo que, idealmente, apenas 5 posições devem assumir este valor, correspondente ao total de radares que se deseja posicionar.

Referindo-se à anomalia mencionada na seção anterior, o que se necessita controlar aqui é a presença de genótipos que contenham mais posições do que as desejadas, já que esta representação impede repetições e que genótipos com um número menor de posições tendem a ter uma área de cobertura total também menor, fato diretamente refletido no valor de aptidão a eles atribuídos. Para este controle torna-se necessário não só que a população inicial contenha genótipos válidos, mas que, no decorrer do processo, estes genótipos não sofram distorções significativas, que impeçam o bom andamento do processo evolutivo.

Cada indivíduo da primeira população é especificado com o auxílio de uma máscara de 5 posições que, ao ser colocada sobre um vetor contendo permutações aleatórias dos índices correspondentes às posições possíveis, especifica um subconjunto a ser avaliado. No genótipo as posições correspondentes a estes índices recebem o valor 1, permanecendo as demais posições com o valor 0.

Ao longo do processo evolutivo dois tipos de mecanismos de controle foram implementados. A abordagem inicial teve por base uma função de penalização que, através de um termo adicionado a função de avaliação especificada na Equação 4 (observe-se que o problema é definido como de minimização), penaliza os indivíduos com mais posições que as desejadas. Definiu-se um termo de penalização p tal que:

$$p = \left(|n_i - n| * 10^{-8} \right) \quad \text{Equação 5 – Termo de penalização}$$

sendo n_i o número de posições especificadas no indivíduo i e n o número de posições almeçadas. Nesta abordagem os operadores genéticos empregados foram os presentes na biblioteca, com taxas de aplicação e parâmetros refinados para o problema tratado. Os resultados obtidos encontram-se na Tabela 1.

Como a taxa de sucesso decorrente do controle por penalização foi considerada insatisfatória, procurou-se substituí-la pelo emprego de operadores que preservam o padrão estrutural desejado.

O operador de cruzamento é definido a partir da representação decimal dos genótipos e encontra-se esquematizado na Figura 2. Duas máscaras, uma para cada genótipo, auxiliam na escolha dos valores que comporão os novos indivíduos. Um valor de corte estabelece a forma de composição. Na figura o valor de corte 3 estabelece que o genótipo, G3, será composto por 3 elementos de G1 e dois de G2. De forma inversa, G4, compõe-se de 2 elementos de G1 e 3 de G2. Sobreposições, como a observada em G3, são eliminadas com valores aleatoriamente escolhidos do conjunto de união G1 e G2, e ainda não pertencentes a G3.

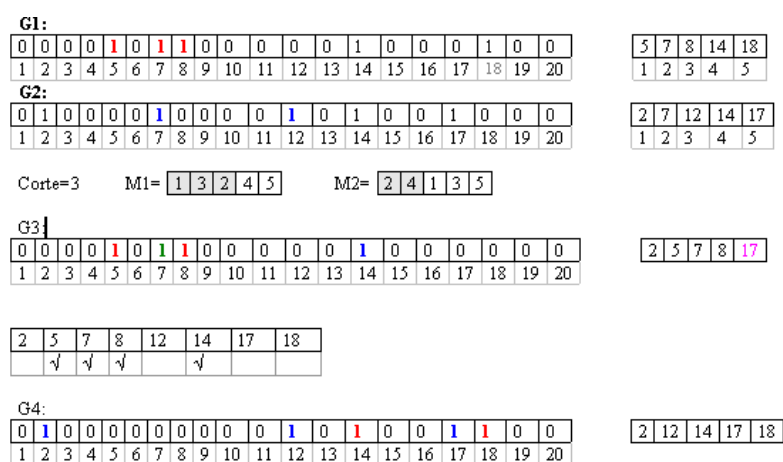


Figura 2. Esquema para o operador de cruzamento binário.

O processo de mutação atua localmente, a partir do valor corrente da variável, ou globalmente, considerando-se todo o domínio de definição das variáveis, sendo aplicado por bit, com diferentes probabilidades. Na mutação local, o bit sofre um deslocamento à direita, ou à esquerda de, no máximo, 2 posições, dependendo da disponibilidade de posições vazias em sua vizinhança. Na mutação global, o índice existente é zerado e uma nova posição, aleatoriamente escolhida e ainda não especificada como 1 no genótipo, passa a exibir este valor.

A Tabela 1 apresenta os resultados obtidos para cada tipo de controle implementado.

	Função de Penalização	Operadores
Total de Sucessos	650	986
Total de Falhas	350	14
Tempo Mínimo	1	1
Tempo Máximo	99	72
Tempo Médio	43.83	7.38
Desvio Padrão	24.08	4.77

Tabela 1: Resultados dos mecanismos de controle implementados para o genótipo binário.

Embora a utilização destes operadores seja computacionalmente mais onerosa, ela se justifica quando se comparam seus resultados aos obtidos com a função de penalização.

O tempo médio de convergência verificado parece adequado uma vez que são necessárias 738 avaliações (7.38 gerações \times 100 indivíduos) para varrer-se o espaço composto por 15504 soluções (combinação de 20, 5 a 5). Apesar disto, vale salientar-se o desvio padrão relativamente alto.

3.2 Genótipo com representação real

Aqui os índices das posições candidatas são representados no genótipo como valores reais. Na primeira geração um indivíduo é formado a partir de um vetor contendo números de 1 a m , o total de posições candidatas, em ordem aleatória. A partir deste vetor define-se uma posição inicial, também aleatória, a partir da qual n valores são tomados em seqüência para compor o indivíduo. A Figura 3 ilustra este processo de formação para $m = 20$ e $n = 5$.

18	1	5	14	9	16	17	4	7	20	12	2	11	10	3	8	13	6	15	19
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20

$i = 7$

17.0	4.0	7.0	20.0	12.0
------	-----	-----	------	------

Figura 3. Esquema para formação da população inicial para a representação real.

O valor deste tipo de inicialização foi apresentado previamente em [9]. A exemplo do que foi realizado para o genótipo binário, dois tipos de controle da geração de anomalias foram empregados. Inicialmente aplicou-se o controle por penalização. A penalização aplicada foi a mesma descrita para o genótipo binário. Os operadores genéticos aplicados foram os existentes na biblioteca empregada e refinados para esta representação do problema. O resultado obtido, apresentado na Tabela 2, foi bastante superior ao exibido pelo emprego deste controle para a representação binária, indicando que os operadores existentes para a representação real atendem mais facilmente as demandas deste problema.

Resultados ligeiramente melhores, pelo menos quanto a taxa de sucesso, foram obtidos quando o controle por penalização foi substituído pelo controle por operadores especificados para preservar o padrão estrutural do genótipo. Os operadores empregados, no entanto, diferem um pouco em concepção daqueles empregados para a representação binária.

O operador de cruzamento faz com que os genótipos dos novos indivíduos contenham cópias de todas as posições comuns entre seus pais, sendo as demais posições preenchidas com valores aleatórios, presentes nos pais mas ainda não presentes nos filhos.

O operador de mutação foi simplificado para realizar apenas mutação global, isto é, a substituição de um valor por outro aleatório escolhido em todo domínio de definição da variável. Observou-se que a mutação local é de pouca valia na representação do problema por meio de posições candidatas, uma vez que a proximidade de valores entre os índices destas posições não guarda em si nenhuma relação com a proximidade geográfica destas localizações, ou seja, que esta proximidade não permite traçar nenhuma inferência sobre as áreas de cobertura correspondentes.

A Tabela 2 apresenta o conjunto de resultados.

	Função de Penalização	Operadores
Total de Sucessos	910	996
Total de Falhas	90	4
Tempo Mínimo	1	1
Tempo Máximo	35	81
Tempo Médio	10.48	9.14
Desvio Padrão	5.37	6.78

Tabela 2: Resultados dos mecanismos de controle implementados para o genótipo real.

4. Conclusões e trabalhos futuros

Os resultados apresentados permitem concluir que o controle por meio de operadores tende a ser mais efetivo do que aquele por meio da função de penalização empregada.

Para este tipo de controle as diferenças entre as duas representações, no entanto, parecem não ser tão marcantes, uma vez que, embora o tempo médio obtido na representação binária seja menor do que o da representação real, a taxa de sucesso lá é também reduzida. No entanto, os resultados parecem favorecer os operadores definidos para a representação real quando um cenário maior é considerado.

O resultado a seguir refere-se a uma configuração 100×20, que, partindo das localizações possíveis apresentadas na Figura 4, e geradas automaticamente pelo sistema SADCRAM, acarreta a seleção do conjunto de radares apresentados na Figura 5.

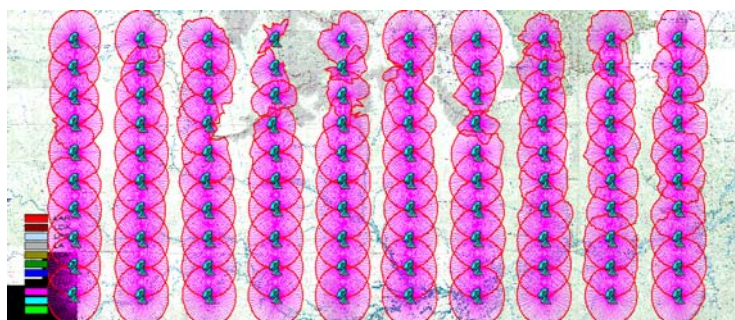


Figura 4. Regiões de cobertura de 100 radares automaticamente selecionados.

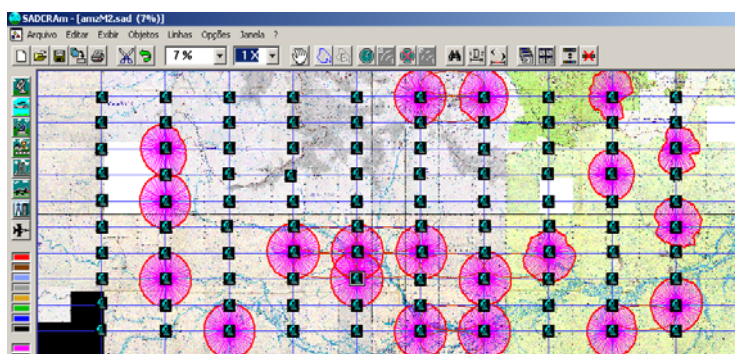


Figura 5. Seleção de um conjunto de 20 radares.

Embora não seja possível garantir a otimalidade da solução da Figura 5, análises intuitivas conduzidas no conjunto de $5.36e+20$ resultados possíveis, sugerem que ela é uma boa solução. Para um conjunto de 10 execuções, a solução foi encontrada 4 vezes, com tempos de convergência de 4, 5, 9 e 10 gerações. Já a representação binária não conseguiu, em 25 execuções, alcançar este mesmo patamar.

Tendo em vista a rápida convergência apresentada pelo algoritmo genético, na agenda de trabalhos futuros espera-se poder retomar a idéia inicial de especificar indivíduos contendo diretamente a representação das coordenadas de latitude e longitude das posições a serem avaliadas. Esta possibilidade é atraente pois, conforme mencionado na seção 2.1, está associada a melhor exploração da região estudada. Além disso, pretende-se ampliar as análises para que, além da cobertura máxima, a otimização garanta também a cobertura de pontos de interesse, como aeródromos e refinarias, denominados genericamente como pontos sensíveis. No cenário de mais longo prazo, sistemas de informação geográfica deverão ser empregados para auxiliar na incorporação de fatores tais como acessibilidade do local, proximidade a cidades, entre outros.

Este trabalho faz parte de um projeto que deverá futuramente integrar em um único ambiente computacional sistemas já existentes, como o de otimização aqui apresentado, o sistema SADCRAM e, ainda, aquele que identifica automaticamente regiões promissoras para colocação de um radar a partir do relevo do terreno.

Agradecimentos

Agradecemos aos analistas Valentin Novackoski e João Camilo da Silva, do IEAv/CTA, pela disponibilização, adaptação e suporte técnico na utilização do sistema SADCRAM.

Referências Bibliográficas

1. M.C. Goldbarb, “O Problema de Alocação Ótima de Radares de Vigilância: Um Estudo por Técnicas de Cobertura”. Dissertação de Mestrado, Instituto Militar de Engenharia (IME), Rio de Janeiro, 1987.
2. Daskin, M. Network and Discrete Location: Models, Algorithms and Applications. Wiley Interscience, New York, EUA, 1995.
3. Goldbarb, M.C., H.P.L. Luna, Otimização Combinatória e Programação Linear: Modelos e Algoritmos, Editora Campus, Rio de Janeiro, 2000.
4. J.H. Jaramillo, J. Bhadury, R. Batta, “On the use of genetic algorithms to solve location problems”. Computers & Operations Research, 2002, 29, 761-779.
5. L.A.N. Lorena, L.S. Lopes, “Genetic Algorithms Applied to Computationally Difficult Set Covering Problems”. Journal of the Operational Research Society, 1997, 48, 440-445.
6. S.P. Pullen, P.K. Enge, B.W. Parkinson, “Global optimization of GPS augmentation architectures using genetic algorithms”. Proceedings of ION GPS '95, Palm Springs, California, 1995.
7. D.M. Tate, A.E. Smith, “A Genetic Approach to the Quadratic Assignment Problem”. Computers and Operations Research, 1995, 22, 73-83.



8. M. Solar, V. Parada, R. Urrutia, "A parallel genetic algorithm to solve the set-covering problem". *Computers & Operations Research*, 2002, 29, 1221-1235.
9. C.L.R. Santos, L.S. Heinzelmann, F.M. Brito, "Otimização de Cobertura Radar Via Algoritmo Genético", Spolm – Simpósio de Pesquisa Operacional e Logística da Marinha, Rio de Janeiro, 2003 (a ser publicado).
10. J. Chipperfield, P.J. Fleming, H. Pohlheim, C. M. Fonseca, "Genetic Algorithm Toolbox User's Guide", ACSE Research Report No. 512, University of Sheffield, 1994.