

Alocação de Recursos Operacionais para a Segurança Pública com a Utilização de Algoritmos Genéticos e Google Maps

Allocation of Operational Resources for the Public Security with the use of Genetic algorithms and Google Maps

Augusto José Almeida de Santana, Agnaldo Volpe Lovato, Alex Ferreira dos Santos e Robson Hebraico Cipriano Maniçoba

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), DQE – CCSI, Grupo de Pesquisa em Computação Aplicada (GPCA), Jequié, Bahia, Brasil

Resumo

Com o aumento da criminalidade ao longo dos anos, a modernização das estratégias utilizadas na segurança pública e a utilização de sistemas de apoio à tomada de decisão tornam-se necessárias. O emprego das tecnologias de informação destaca-se como um aliado na prevenção e resolução dos problemas encontrados neste setor. Este artigo apresenta o uso de algoritmos genéticos e recursos disponibilizados pelo *Google Maps* aplicados no agrupamento de ocorrências policiais para identificação de pontos estratégicos por meio da identificação dos centróides, com a finalidade de preveni-las, proporcionando assim uma melhor alocação de recursos humanos e materiais do efetivo policial. Informações como latitude, longitude e natureza das ocorrências, que auxiliaram na identificação dos agrupamentos foram obtidas de uma base de dados disponibilizada pela Polícia Militar.

Palavras-chave: algoritmos genéticos, segurança pública, tomada de decisão, georreferência, agrupamento de dados.

Abstract

With the increase of the crime along the years, the modernization of the used strategies in the public security and the use of support systems to the take of the decision become necessary. The use of information technologies brings out as an ally in the prevention and solution of the found problems in this sector. This article presents the use of genetic algorithms and resources feed up by the applied Google Maps in the grouping of police occurrence for the identification of strategic points by means of the identification of centroids with the aim to prevent them, providing this way a better allocation of human resources and material of the police manpower. Information with latitude, longitude and nature of the occurrences which has helped in the identification of grouping have been obtained from a data base freed up by the Military Police.

Keywords: genetic algorithm, public security, make decision, georeferency, data clustering.

Introdução

O crescimento da criminalidade tem sido assunto de primeira ordem em todo o mundo, sendo notícia constante nos meios de comunicação os números que comprovam o avanço criminal [1]. As estratégias de policiamento que funcionaram há décadas passadas não estão sendo mais eficazes [2],

havendo uma necessidade constante de modernização das polícias, investimentos incisivos em inovações capazes de acompanhar o avanço da criminalidade.

O baixo efetivo policial e o reduzido número de seus equipamentos (viaturas, módulos policiais, etc.) são insuficientes e na maioria das vezes utilizados através de métodos antigos de planejamento, sem o uso de métodos científicos, enfim, que permitam uma análise criminal pautada pelo emprego do estudo dos dados armazenados e dispostos de forma a apoiar a tomada de decisão.

O advento da era da informação e a disponibilidade gratuita de ferramentas que permitem a geolocalização, como o *Google Maps*, tem contribuído muito para o desenvolvimento a baixo custo de soluções que associam bases de dados com georeferenciamento em tempo real, fomentando o desenvolvimento e a modernização de sistemas capazes de substituir os antigos mapas de alfinetes, utilizados historicamente pelas polícias do Brasil e do mundo [3].

Sistemas que aliam as tecnologias mencionadas são utilizados em departamentos de polícias em todo o mundo, porém, no Brasil tal iniciativa ainda é incipiente [4]. Não obstante, mesmo os sistemas disponíveis no país utilizam, em sua maioria, apenas bases de dados de ocorrências e consultas parametrizadas, alguns com visualização cartográfica de dados, sem oferecer nenhum tipo de direcionamento para as ações de segurança pública, ou seja, uma indicação que auxilie os gestores na tomada de decisão.

Assim, propõe-se a utilização de um algoritmo genético para agrupar dados de ocorrências policiais e indicar, através de centro geométrico destes agrupamentos (centróide), um melhor local para emprego do aparato de segurança pública disponível, otimizando sua utilização e, conseqüentemente, despendendo menos recursos logísticos e financeiros, produzindo o conhecimento necessário para uma gestão mais competente do complexo problema de segurança pública.

Algoritmos Genéticos

Um algoritmo genético (AG) é um tipo de algoritmo de busca que utiliza o paradigma genético/evolucionário localizado na classe dos algoritmos evolucionários (AE). Os AG foram criados com o intuito de imitar alguns dos processos observados na evolução natural das espécies. Os mecanismos que realizam esta evolução na natureza ainda não estão completamente compreendidos, mas algumas de suas características já são bem compreendidas e aceitas [5].

Baseados na teoria de Charles Darwin, os AG utilizam uma coleção de indivíduos (pais) que passam por sucessivas etapas de reprodução, incluindo nelas mutações e cruzamentos entre pares, resultando assim em novos indivíduos (filhos) a cada iteração [5], conforme ilustrado na Figura 1 através do um esquema básico de um algoritmo genético.

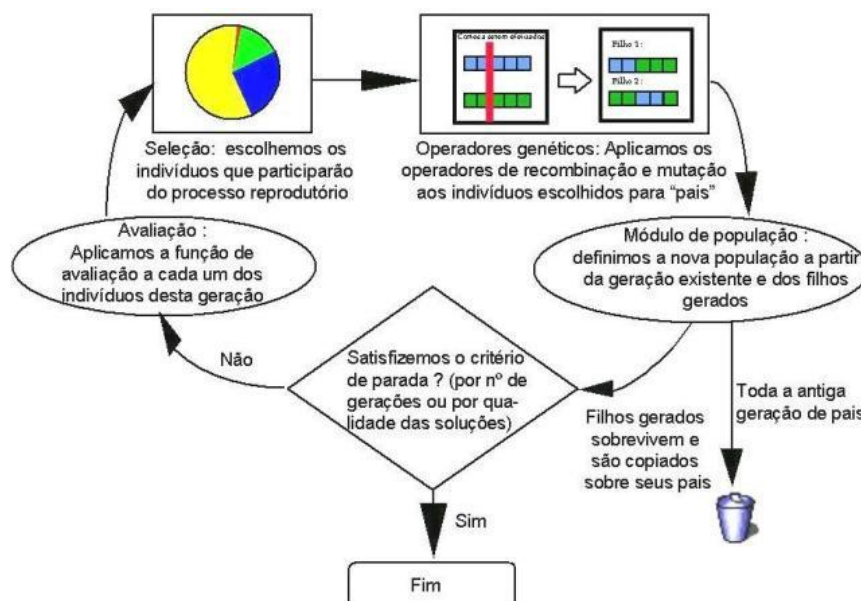


Figura 1 - Esquema de um algoritmo genético [6]

Os indivíduos da população são avaliados, através de uma função de aptidão ou *fitness*, de acordo com critérios próprios do problema a ser resolvido, para se determinar quais os indivíduos mais aptos a prosseguirem se reproduzindo [5].

Aliando todo o conhecimento sobre o problema na função de aptidão, obtêm-se resultados satisfatórios, bons ou ótimos para problemas considerados de difícil resolução com os recursos computacionais atuais ou cujo tempo para processamento não é satisfatório para um determinado fim.

Os AG buscam a melhor solução para problemas de otimização utilizando um processo iterativo de busca, onde a procura se dá a partir de uma população inicial, que operando com os seus melhores representantes, obtêm-se uma nova, que substitui a anterior. A cada nova iteração uma nova população é criada, apresentando novas e melhores soluções [7].

Algoritmos específicos clássicos de busca e otimização são capazes de encontrar valores ótimos e existem para a maioria dos problemas, porém, em algumas situações, em que há um número muito grande de variáveis e caminhos para se chegar a uma solução, a complexidade do problema computacional cresce exponencialmente, levando a uma explosão combinatória, fazendo com que o tempo de execução do algoritmo seja exponencial, tornando o problema intratável ou não polinomial (NP) [8], sendo indicado o uso de algoritmos evolucionários, conforme ilustra a Figura 2.

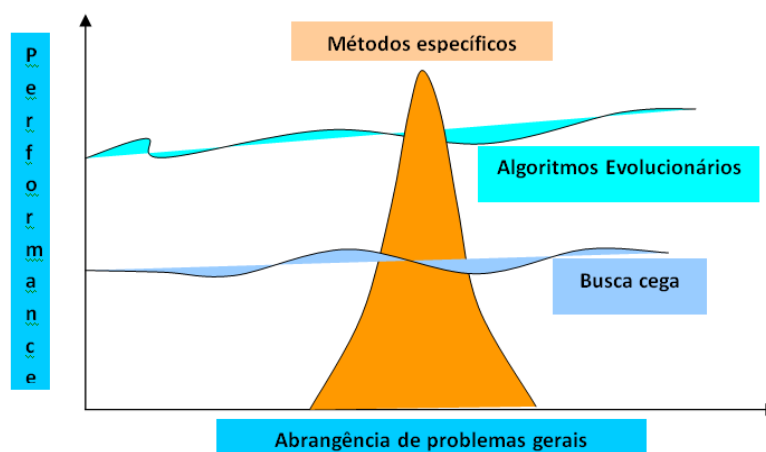


Figura 2 - Visão de Algoritmos Evolucionários frente a problemas gerais [8]

Algoritmo Genético de Agrupamento

Um algoritmo genético de agrupamento (AGA) não é um AG comum, pois necessita de adequações na maneira de tratar as informações, além de uma representação cromossômica condizente com o problema de agrupamento proposto.

Os operadores genéticos não devem ser utilizados de maneira clássica, pois os genes se relacionam entre si, fazendo parte muitas vezes do mesmo agrupamento, e devem ser tratados conjuntamente, a fim de que os indivíduos tenham a evolução esperada durante a execução do algoritmo.

Nesta sessão é exemplificada a construção de um AGA para resolver problemas de agrupamentos de um conjunto de dados de ocorrências policiais genérico, contendo as coordenadas geográficas de longitude e latitude dos registros policiais.

Complexidade do Problema

Dado o resultado de uma consulta a uma tabela de um banco de dados de ocorrências policiais, contendo localização de longitude e latitude dos registros, o AGA proposto deverá tratar estas informações no sentido de agrupar de forma inteligente esses pontos, através de suas coordenadas geográficas, a fim de, posteriormente, indicar dentro dos agrupamentos formados, o melhor local para o emprego dos equipamentos de segurança pública, bem como do efetivo policial. A relação do resultado da consulta com o AGA dá-se conforme ilustra a Figura 3. Primeiramente, é realizada uma consulta pelo usuário e, posteriormente, é iniciado o algoritmo, que, através do conjunto de resultados, monta a estrutura cromossômica e os agrupamentos.

A quantidade de ocorrências retornadas pela consulta (conjunto de dados) não é previsível. O processo de agrupamento desses dados envolve a separação de um conjunto X de objetos em uma coleção de sub-conjuntos (agrupamentos) mutuamente disjuntos C_i de X .

Considere um conjunto de n ocorrências $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ que deve ser agrupado, onde cada x_i é uma ocorrência policial resultante da consulta realizada. As ocorrências devem ser agrupadas em conjuntos disjuntos $C = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}$, onde k é o número de agrupamentos, tal que $C_1 \cup C_2 \cup \dots \cup C_k = X$, $C_i \neq \emptyset$, e $C_i \cap C_j = \emptyset$ para $i \neq j$.

O problema inicial consiste no desconhecimento do valor ideal de k , uma vez que este deve ser fornecido pelo AGA. Além disso, o número de possibilidades de se classificar n ocorrências em k grupos, por meio do cálculo exaustivo, que não é a pretensão do escopo deste trabalho, é dado pela equação (1).

$$N(n, k) = \frac{1}{k!} \sum_{i=0}^k (-1)^i \binom{k}{i} (k-i)^n \quad (1)$$

Por exemplo, existem $N(25, 5) = 2.436.684.974.110.751$ maneiras de se classificar 25 ocorrências em 5 agrupamentos. Assim, percebe-se a complexidade de se agrupar corretamente um conjunto de apenas 25 resultados.

É necessário observar que normalmente esse problema é considerado simples quando comparado com aqueles encontrados em aplicações de mineração de dados [9]. Todavia, ao considerar que o valor de k é desconhecido, o problema de se encontrar uma solução ótima para a separação de n objetos em k grupos é NP-completo, e, devido ao fato de que o número de separações possíveis desses n objetos em k agrupamentos aumenta aproximadamente na razão $k^n / k!$, a tentativa de se encontrar uma solução ótima é inviável sob o ponto de vista computacional.

Outra problemática da montagem dos agrupamentos é a escolha da maneira mais eficiente de comparar tais subconjuntos, atribuindo a estes um valor que ao mesmo tempo os diferencie dos demais e os qualifique internamente, assim o processo de agrupamento objetiva maximizar a homogeneidade entre os objetos de um mesmo grupo e, concomitantemente, maximizar a heterogeneidade entre objetos de grupos distintos.

A homogeneidade e a heterogeneidade podem ser medidas através de coeficientes de dissimilaridade ou similaridade. A dissimilaridade $d(i, j)$ indica quão remoto estão dois objetos i e j , enquanto que a similaridade $s(i, j)$ indica quão próximos estão os mesmos objetos [10].

Dissimilaridade e similaridade são coeficientes antagônicos [9]. Quanto maior a similaridade $s(i, j)$ entre i e j , menor a dissimilaridade $d(i, j)$, conforme a equação (2).

$$d(i, j) = 1 - s(i, j) \quad (2)$$

Ambos os coeficientes (d e s) são aceitáveis e podem ser utilizados, sem tornar-se necessário eleger qual o mais vantajoso [10], cabendo ao desenvolvedor aplicar uma medida para diferenciação entre os elementos e entre os agrupamentos, sendo as mais utilizadas as distâncias euclidiana e de *manhattan*.

A partir destes conceitos fora proposta uma função de aptidão, chamada largura da silhueta média, que trabalha com a diferenciação dos objetos pelas suas dissimilaridade e similaridade [10]. A elaboração da função de avaliação, juntamente com a estrutura cromossômica forma o coração do AGA proposto.

Representação Cromossômica

Para resolver o problema de agrupar os dados relativos aos pontos de registro de ocorrências policiais (georeferenciadas por suas coordenadas de longitude e latitude) através de um AGA, observou-se que necessariamente o cromossomo utilizado deveria ser constituído de tal forma a relacionar os casos de ocorrências (sua posição dentro da tabela de banco de dados) com o agrupamento a que elas pertencem dentro do cromossomo, para que se pudesse obter um cromossomo de simples codificação e relacionar seus genes a suas respectivas ocorrências aos seus agrupamentos.

A forma proposta de representação é a ilustrada na Figura 3, onde a ligação de cada gene a sua ocorrência dentro da tabela é realizada pelo ID do gene e o ID da ocorrência registrada.

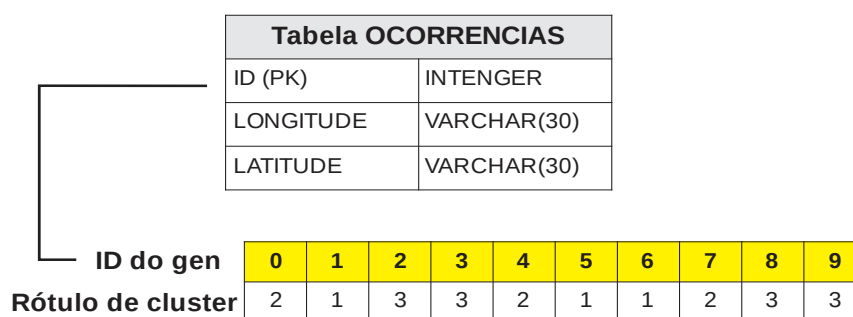


Figura 3 - Relação entre o cromossomo e a tabela do banco de dados

Para a utilização dessa representação cromossômica, foi desenvolvida uma classe Cromossomo, composta pelos atributos:

- ROTULO: um vetor de inteiros do tamanho da quantidade de ocorrências no conjunto de resultados, que armazena os rótulos dos agrupamentos;
- AVALIACAO: do tipo dupla precisão, que armazena a avaliação do indivíduo, dada pela função de aptidão.

Supondo que o conjunto de resultados obtidos através de uma consulta qualquer ao banco de dados obteve 10 registros, é possível, de forma exemplificativa, fazer as seguintes relações de acordo com o cromossomo da Figura 3:

- As ocorrências de ID 1, 5 e 6 pertencem ao mesmo agrupamento, cujo rótulo de identificação é “1”;
- As ocorrências de ID 0, 4 e 7 pertencem ao mesmo agrupamento, cujo rótulo de identificação é “2”;
- As ocorrências de ID 2, 3, 8 e 9 pertencem ao mesmo agrupamento, cujo rótulo de identificação é “3”;
- O cromossomo possui uma representação com 3 agrupamentos e 10 ocorrências ao todo;
- O ID de cada ocorrência permite relacionar cada gene do cromossomo a sua ocorrência e seus demais dados, como: longitude, latitude, entre outros.

A população inicial gera um conjunto de indivíduos numa quantidade especificada entre os parâmetros iniciais do algoritmo, com alocação de cada gene do cromossomo, em um agrupamento, de acordo com o número máximo de agrupamentos também especificado entre os parâmetros iniciais.

Função de Avaliação ou *Fitness*

A função de aptidão largura da silhueta média, empregada no AGA, trabalha com as dissimilaridades entre os elementos, maximizando a homogeneidade interna de cada grupo e a heterogeneidade entre grupos distintos [10].

Aplicada ao projeto, a homogeneidade dentro de cada agrupamentos pode ser obtida pela minimização das distâncias euclidianas entre os pontos. A heterogeneidade entre os agrupamentos pode ser medida pela maximização da dissimilaridade média entre seus pontos.

Considere um ponto i qualquer. Para definir a silhueta $s(i)$, primeiro definimos A , o agrupamento ao qual a subsequência pertence e calculamos:

- $a(i)$ = dissimilaridade média de i em relação a todos os outros pontos de A ;
- considere qualquer agrupamento C diferente de A e $d(i, C)$ = dissimilaridade média do ponto i em relação a todos os pontos de C . Calculado $d(i, C)$ para todos os agrupamentos com $C \neq A$, seleciona-se a menor delas: $b(i) = \min\{d(i, C)\}, C \neq A$.

O agrupamento B para o qual esta dissimilaridade é mínima [$d(i, B) = b(i)$] é chamado de vizinho do ponto i . É a segunda melhor escolha. $b(i)$ depende da capacidade dos agrupamentos em diferir de A , portanto, as silhuetas não são definidas para $k=1$ (quando houver apenas um grupo). A largura da silhueta de cada ponto i é definida pela Equação (3).

$$s(i) = \frac{b(i) - a(i)}{\max\{a(i), b(i)\}} \quad (3)$$

As propriedades de $s(i)$ são:

- $-1 \leq s(i) \leq 1$;
- $S(i) = 0$ quando $A = \{i_1\}$ (o agrupamento A possui apenas um ponto);
- $2 \leq k \leq N_{\text{pontos}}$ (número de pontos comuns).

Quando $s(i)$ é muito próximo do valor 1 significa que a dissimilaridade interna $a(i)$ é muito menor que a menor dissimilaridade externa $b(i)$. Portanto, conclui-se que i está bem classificado em seu agrupamento.

Quando $s(i)$ se aproxima de zero, $a(i)$ e $b(i)$ são aproximadamente iguais, portanto não está claro se o ponto i deveria ficar em A ou em seu vizinho B . Por outro lado, quando a silhueta $s(i)$ está próxima do valor -1 , então $a(i)$ é muito maior que $b(i)$, o que significa que o ponto i está mal classificado no grupo A . Ele está muito mais próxima de B do que de A .

A média de $s(i)$ para $i = 1, 2, 3, 4, \dots, n$, ou seja, para todos os pontos do cromossomo, é chamada largura da silhueta média para o conjunto de dados e é a função de aptidão utilizada pelo algoritmo genético de agrupamento proposto, conforme a equação (4).

$$\text{Função de aptidão } FA = \overline{s(i)} \quad (4)$$

O valor $\overline{s(i)}$ é usado para seleção do melhor valor de K (número de agrupamentos), que acontece quando $\overline{s(i)}$ for máximo [9], logo, quando se obtém este índice, além do número ideal de agrupamentos, há também a convergência dos pontos para agrupamentos distintos, através da evolução dos indivíduos no AGA.

Além da largura da silhueta média, aplicou-se o multiplicador M (onde M é o número de agrupamentos de cada cromossomo) à avaliação de cada um, a fim de favorecer os indivíduos com o maior número de agrupamentos, uma vez que, após várias execuções, notou-se a convergência para um número reduzido de agrupamentos, o que não favorecia a obtenção de uma boa solução. Finalizando-se a função de aptidão conforme equação (5).

$$\text{Função de aptidão } FA = \overline{s(i)} M \quad (5)$$

Dessa forma, os indivíduos com uma maior quantidade de agrupamentos obtêm melhores valores pela função de aptidão, o que faz com que prosperem seus esquemas entre as futuras gerações.

Operadores Genéticos

Para o problema proposto, genes de alelos (valores ou rótulos) iguais pertencem aos mesmos agrupamentos, sendo estes os blocos de construção significativos de uma solução. Assim, é necessário usar operadores que trabalhem com grupos de genes, ao invés de se trabalhar com operadores clássicos [9].

Para o desenvolvimento do AGA, utilizou-se um operador de recombinação (*crossover*), dois de mutação específicos [8] e um de mutação clássico.

Para avaliar as distâncias e a concentração dos pontos em um determinado agrupamento utilizou-se o conceito de centróide. O centróide é calculado com os valores dos vértices dos pontos dentro dos agrupamentos, pela média das distâncias euclidianas nos eixos x e y , que são representados pelos valores de longitude e latitude.

O operador de recombinação (*crossover*), basicamente, combina trechos de informação de dois cromossomos distintos. Por exemplo, alguns agrupamentos presentes em um dado indivíduo A são copiados no indivíduo B , e vice-versa, gerando o filho C e D , conforme o seguinte pseudocódigo:

- Selecione dois cromossomos A e B ;
- Considerando que A representa k_1 agrupamentos, escolha aleatoriamente n ($1 \leq n \leq k_1$) agrupamentos para copiar em B . Os agrupamentos não alterados de B são mantidos e aqueles alterados têm seus genes realocados para o agrupamentos de centróide mais próximo. Desta maneira se obtém o filho C ;

- Para se obter o filho *D*, copia-se em *D* todos os agrupamentos de *B* que foram alterados. Simula-se então a cópia destes agrupamentos no cromossomo *A*, alterando-se, por consequência, alguns grupos deste indivíduo. Os agrupamentos inalterados de *A* são copiados em *D* e os genes que não pertencem a nenhum agrupamentos são realocados para o agrupamentos de centróide mais próximo.

Para exemplificar, observe o passo 1 na Figura 4. Considere dois indivíduos *A* (1123245125432533424) e *B* (1212332124423221321). Cada alelo representa o rótulo do agrupamento a que o gene pertence. São selecionados aleatoriamente os agrupamentos 2 e 3 (destacados) em *A*. Estes agrupamentos modificam os agrupamentos 1, 2 e 3 em *B*, enquanto que o agrupamento 4 não é modificado, gerando o filho *C*.

Os genes de *C* completados com alelos iguais a zero (Figura 4, passo 2) indicam posições com potencial para receber grupos não alterados de *B* ou representam genes que serão reposicionados no agrupamento de centróide mais próximo. Por exemplo, o grupo 4 é mantido porque ele não foi mudado em *B*. Assim, o processo de recombinação resulta no seguinte indivíduo: *C* (0023200024432033020).

Os genes de *B* pertencentes a agrupamentos modificados terão seus alelos “zerados” (Figura 4, passo 2) e logo depois serão realocados para agrupamentos de centróide mais próximo (Figura 4, passo 3).

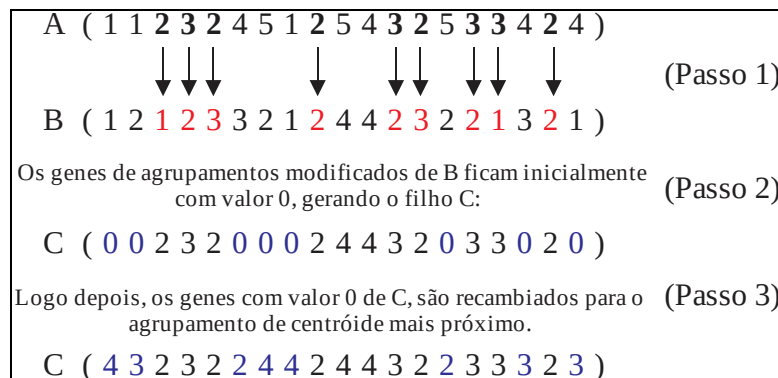


Figura 4 - Primeiro filho através do crossover do AGA

O indivíduo *D*, formar-se-á pelos agrupamentos 1, 2 e 3 de *B*, que foram alterados (Figura 4, passo 1). Logo em seguida, os genes cujos agrupamentos não foram alterados, neste caso o agrupamento de rótulo “4”, são “zerados” e direcionados para agrupamentos de centróide mais próximo.

Dois operadores de mutação foram utilizados. O primeiro opera em cromossomos formados por mais de dois agrupamentos, eliminando aleatoriamente um deles e reposicionando seus genes nos agrupamentos de centróide mais próximos (Figura 5).

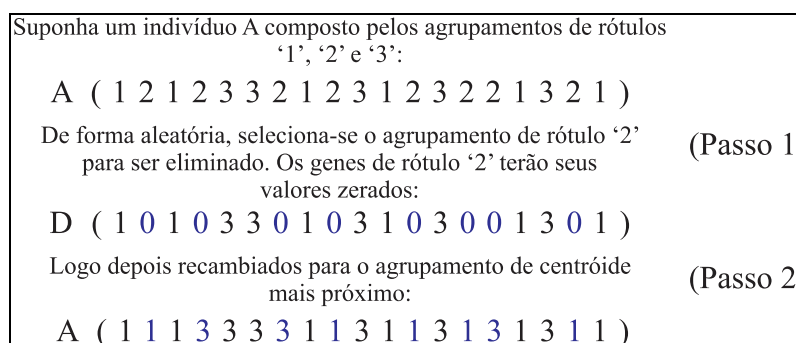


Figura 5 - Exemplo do primeiro operador de mutação específico

O segundo operador seleciona aleatoriamente um agrupamento e o subdivide em dois. O primeiro subgrupo é formado pelos genes mais próximos do centróide. O segundo é formado pelos pontos mais próximos do ponto mais distante do centróide. Originam-se assim duas sementes. Após isso, os genes são realocados para a semente mais próxima.

Além dos operadores de mutação específicos descritos, para se evitar perda de diversidade, utilizou-se também um operador de mutação clássico, que atua em uma parcela mínima dos indivíduos. Dessa forma, caso seja selecionado o indivíduo A (1123245125432533424), todos os seus genes serão submetidos à escolha aleatória entre sofrer a mutação clássica ou não. Caso o gene sofra a mutação, o rótulo de seu alelo, que representa o agrupamento a qual ele pertence, será permutado para um valor escolhido aleatoriamente entre os valores mínimo e máximo de agrupamentos estipulados nos parâmetros iniciais do algoritmo (Figura 6).

Suponha um indivíduo A composto pelos agrupamentos de rótulos '1' e '2':	
A (1 2 1 1 1 2 2 1 2 2 1 2 1 2 2 2 2 1)	
De forma aleatória, seleciona-se o agrupamento de rótulo '2' para ser dividido. Os genes são zerados momentaneamente:	(Passo 1)
A (1 0 1 1 1 0 0 1 0 0 1 0 1 0 0 0 0 1)	
Uma semente:	(Passo 2)
A (1 2 1 1 1 3 3 1 2 3 1 2 1 2 3 2 2 1)	

Figura 6 - Operador de mutação clássico

Integração com o Google Maps

O Google fornece toda a documentação para as bibliotecas de funções de sua ferramenta *Maps*. O coração do georeferenciamento e da exibição dos dados através dos mapas do Google está no objeto *marker*, que são ícones que identificam locais nos mapas e podem ser modificados tanto na sua forma como na localização, permitindo seu emprego nos mais diversos casos.

O Quadro 1 lista um código em *JavaScript* com funções da API do *Google Maps* que adiciona um marcador simples a um mapa, ilustrado na Figura 7.

Quadro 1 – Adicionando um marcador simples a um mapa

```
var myLatLng = new google.maps.LatLng(-13.818161388280218 , -
40.231861842285184);
var myOptions = {
  zoom: 4,
  center: myLatLng,
  mapTypeId: google.maps.MapTypeId.ROADMAP
}
var map = new google.maps.Map(document.getElementById("map_canvas"), myOptions);
var marker = new google.maps.Marker({
  position: myLatLng,
  map: map,
  title:"Hello World!"
});
```

Figura 7 - *marker* simples do Google Maps

Após o alcance do critério de parada (quantidade de gerações) o cromossomo com a melhor avaliação representa a melhor solução. Para permitir a integração da saída do AGA ao sistema, exportam-se as coordenadas dos pontos bem como dos centróides para um arquivo de texto simples, porém, com estrutura *JavaScript* (Quadro 2).

Quadro 2 – Exemplo de Arquivo com coordenadas exportadas

```
id = new Array(); imagem = new Array(); latitude = new Array(); longitude = new Array();

id[0] = "1340"
imagem[0] = "cluster0.png"
latitude[0] = "-13.861539265818859"
longitude[0] = "-40.07766701043704"

id[1] = "1328"
imagem[1] = "cluster0.png"
latitude[1] = "-13.862914224665983"
longitude[1] = "-40.07584310830691"

id[2] = "1362"
imagem[2] = "cluster0.png"
latitude[2] = "-13.861609576411991"
longitude[2] = "-40.07699109376529"
id[3] = "1383"
```

Um arquivo *HTML/JavaScript* contendo código similar ao mostrado no Quadro 3, permite a adição dos *markers* aos mapas, é utilizado para exibição dos resultados. Este trecho de código permanece inalterado e é através da chamada ao arquivo “*pontos.js*” (linha destacada em negrito) que é efetivamente realizada a integração.

Quadro 3 – Arquivo que realiza a integração

```
<script src="pontos.js"></script>
```

```
<script type="text/javascript" src="http://maps.googleapis.com/maps/api/js?sensor=false"> </script>
<script type="text/javascript">
function initialize() {
    var myOptions = {
        zoom: 15,
        center: new google.maps.LatLng(-13.863000,-40.079936),
        mapTypeId: google.maps.MapTypeId.ROADMAP
    }
    var map = new google.maps.Map(document.getElementById("map_canvas"), myOptions);
    mostra_pontos(map);
}
function mostra_pontos(map){
    for (i = 0; i < id.length; i++) {
        var myLatLng = new google.maps.LatLng(latitude[i], longitude[i]);
        var mrk_icon = 'img_clusters/'+imagem[i];
        var marker = new google.maps.Marker(
        {
            position: myLatLng,
            map: map,
            icon: mrk_icon  });
    }
}
</script>
```

Resultados e Conclusões

Após a integração, o AGA é capaz de expor ao gestor uma visualização espacial das ocorrências (Figura 8), agrupadas visualmente através de diferentes cores, e com indicação dos seus respectivos centróides. Estes indicam os melhores locais para o emprego policial, uma vez que ali está o ponto onde a distribuição das ocorrências daquele agrupamento é mais homogênea.



Figura 8 - Agrupamentos e centróides gerados

Com a identificação destes locais, perguntas do tipo “onde posicionar o policial para evitar roubos e furtos?”, “onde instalar um módulo policial, de maneira a estar o mais próximo possível dos acontecimentos?”, “onde parar com uma viatura?”, entre outras, podem ser respondidas através da visualização da saída, conforme ilustra a Figura 8, onde cada agrupamento é apresentado por meio de

“markers” específicos (de cores variadas), a fim de facilitar a visualização ao usuário, e seu centróide é marcado com um “X”.

Aliado ao banco de dados de ocorrências policiais do 19º Batalhão de Polícia Militar, sediado em Jequié, o uso deste AGA já é uma rotina, onde a Coordenação de Planejamento Operacional da Unidade utiliza as informações exibidas para efetivamente empregar o policiamento e os aparelhos de segurança pública de forma lógica e querente com a dinâmica da criminalidade, onde, após a consulta realizada e o início a execução do algoritmo, que é realizado de forma manual, todo o restante do processo é executado automaticamente, finalizando-se na exibição do resultado dos agrupamentos e dos seus respectivos centroides.

O uso de algoritmos genéticos de agrupamento contribui muito para a difícil tarefa da análise criminal e alocação de recursos na área da segurança pública. Através da integração com ferramentas de uso gratuito, com a API do *Google Maps*, foi possível obter bons resultados aliado a baixos investimentos governamentais.

O AGA proposto não somente indica um bom lugar para a utilização dos recursos de segurança pública, como também pode ser utilizado para otimizar seu emprego, dando maior eficiência e eficácia ao trabalho já realizado pelas polícias, principalmente as ostensivas.

Referências

- [1] TRIBUNA DA BAHIA ONLINE. População ainda confia na polícia. Disponível em: <<http://www.tribunadabahia.com.br/2012/06/18/populacao-ainda-confia-na-policia>>. Acesso em: 18 jun. 2012.
- [2] MINISTÉRIO DA JUSTIÇA. Secretaria Nacional de Segurança Pública. Curso Nacional de Multiplicador de Polícia Comunitária. 2. ed. Brasília: SENASP, 2007.
- [3] K. HARRIES, Mapping Crime: Principle and Practice. U.S. Department of Justice. Washington, D.C: 1999.
- [4] P. R. BORNHOFEN; E. TENFEN,. Mapeamento criminal por meio da plataforma Google Maps. Revista Brasileira de Segurança Pública, ano 3, 5 ed., 2008.
- [5] A. R. T. T. ARGOUD, Procedimentos para projeto de arranjo físico modular em manufatura através de algoritmo genético de agrupamento. São Carlos: USP, 2007.
- [6] R. LINDEN, Algoritmos Genéticos, uma importante ferramenta da inteligência Computacional. 2.ed. Rio de Janeiro: Brasport, 2008.
- [7] D. FILLITTO, Algoritmos Genéticos: uma visão explanatória. Revista Multidisciplinar da UNIESP – Saber Acadêmico. São Paulo: UNIESP, 2008.
- [8] C. M. V. LIMA, Otimização de Trânsito: Uma Abordagem Utilizando Algoritmos Genéticos. Recife: UFPE, 2005.
- [9] E. R. HRUSCHKA, Algoritmos genéticos de agrupamento para extração de regras de redes neurais. Rio de Janeiro: UFRJ, 2001.
- [10] L. KAUFMAN, P. J. ROUSSEEUW, Finding groups in data: an introduction to cluster analysis. New York: John Wiley & Sons, 1990.