



## МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ЗАДАЧИ ОБЕСПЕЧЕНИЯ БЕЗОПАСНОСТИ НА ОСНОВЕ МОДИФИЦИРОВАННОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО АЛГОРИТМА

Сергеев Н. П. ORCID ID 0009-0003-8270-000X

*Федеральное казенное образовательное учреждение высшего образования  
«Воронежский институт ФСИН России», Воронеж, Российская Федерация,  
e-mail: nps.97@mail.ru*

Применение классических генетических алгоритмов и в целом математического моделирования для оптимизации мероприятий по обеспечению безопасности объектов осложняется нелинейными зависимостями между защитными мерами и быстрым ростом вычислительной нагрузки при расширении перечня элементов. Цель исследования состояла в разработке модифицированного алгоритма, в котором на смену традиционной функции приспособленности приходят механика виртуального перемещения и коалиционная селекция. Ядром метода служит преобразование экспертных баллов в дискретные шаги с последующим циклическим движением особей по замкнутой шкале; популяция самопроизвольно группируется в объединения, для скрещивания внутри которых отбираются наиболее контрастные по суммарному шагу варианты. Тестовая проверка показала, что алгоритм отыскивает не абстрактный максимум, а сбалансированный, внутренне согласованный набор мер, избегая как слабых, так и нереалистично ресурсоемких комбинаций. Огрубление оценок смягчает влияние субъективности, а группировка удерживает генетическое разнообразие популяции. Получаемый перечень мероприятий оказывается проверенным на непротиворечивость и взаимное усиление, что особенно значимо в условиях жестких бюджетных рамок и неполноты исходных данных. Предложенный инструмент пригоден для поддержки выбора защитных мер при ограниченных ресурсах.

**Ключевые слова:** математическое моделирование, модифицированный генетический алгоритм, виртуальное перемещение особей, шкала шагов, суммарный шаг хромосомы, вычислительная сложность, мероприятия по обеспечению безопасности, функция приспособленности

## MATHEMATICAL MODELING OF THE PROBLEM OF ENSURING SECURITY BASED ON A MODIFIED GENETIC ALGORITHM

Sergeev N. P. ORCID ID 0009-0003-8270-000X

*Federal State Educational Institution of Higher Education  
“Voronezh Institute of the Federal Penitentiary Service of Russia”,  
Voronezh, Russian Federation, e-mail: nps.97@mail.ru*

The use of classical genetic algorithms, and mathematical modeling in general, to optimize facility security measures is complicated by nonlinear dependencies between protective measures and the rapid increase in computational load as the list of elements expands. The goal of the study was to develop a modified algorithm that replaces the traditional fitness function with virtual movement mechanics and coalition selection. The core of the method is the transformation of expert scores into discrete steps, followed by cyclical movement of individuals along a closed scale; the population is spontaneously grouped into unions, within which the most contrasting variants in terms of the total step are selected for crossbreeding. Testing showed that the algorithm does not seek an abstract maximum, but a balanced, internally consistent set of measures, avoiding both weak and unrealistically resource-intensive combinations. Coarsening the estimates mitigates the influence of subjectivity, and the grouping maintains the genetic diversity of the population. The resulting set of measures is verified for consistency and mutual reinforcement, which is especially important under tight budget constraints and incomplete initial data. The proposed tool is suitable for supporting the selection of protective measures under resource constraints.

**Keywords:** mathematical modeling, modified genetic algorithm, virtual movement of individuals, step scale, total chromosome step, safety measures, computational complexity, fitness function

### Введение

Классический генетический алгоритм в задачах обеспечения безопасности предприятий, учреждений, организаций сталкивается с двумя проблемами. Первая – нелинейные зависимости между защитными мерами. Второй является вычислительная сложность выполняемых алгоритмов. Она становится весьма трудоемкой даже для со-

временных машин при увеличении числа слагаемых [1].

Для решения таких проблем предлагается отказаться от прямого расчета функции приспособленности как от обязательного элемента отбора. Вместо этого вводится механика виртуального перемещения решений в специально размеченном дискретном пространстве. Суть подхода в следую-

щем: особь популяции (конкретное мероприятие по обеспечению безопасности, далее – МОБ) не оценивается по абсолютной шкале «хорошо/плохо», а совершает условный шаг вдоль числовой шкалы. Длина этого перемещения зависит от экспертных оценок каждого МОБ по заданным критериям [2]. Такой подход позволяет уйти от необходимости конструировать громоздкую скалярную функцию и при этом учесть сложные взаимосвязи между генами хромосомы.

Дискретизация оценок и их перевод в категорию «шагов» резко снижает чувствительность алгоритма к разбросу мнений группы экспертов. Это важно, потому что при оценке безопасности объекта защиты редко имеются точные данные [3]. А иногда имеют место словесные заключения экспертов, нормы приказов и субъективные оценки.

**Цель исследования** – разработка и демонстрация модифицированного генетического алгоритма, основанного на механике виртуального перемещения решений и коалиционной селекции, который позволяет преодолеть указанные ограничения классических методов при отборе МОБ.

**Материалы и методы исследования**

Математически предложенная процедура выглядит следующим образом. Исходное множество МОБ –  $M$  образует исходную популяцию:

$$M = \{m_1, m_2, \dots, m_i, \dots, m_n\}, \quad (1)$$

где  $n$  – общее количество МОБ.

Каждое МОБ оценивается экспертами множеством критериев  $K$ :

$$K = \{k_1, \dots, k_j, \dots, k_q\}, \quad j = \overline{1, q}, \quad (2)$$

где  $q$  – число критериев.

Оценки по критериям предлагается выставлять по шкале оценок  $O$ :

$$O = \{o_1, \dots, o_t, \dots, o_r\}, \quad t = \overline{1, r}, \quad (3)$$

где  $r$  – максимальное значение шкалы оценок.

Эти баллы и будут являться генами хромосом.

Моментом, на который следует обратить особое внимание, является переход от оценок хромосом в качестве баллов к безразмерным шагам [4]. Для смягчения данного перехода предлагается использовать правило агрегирования. Для начала вводится шкала шагов  $SH$  для особей множества  $M$ :

$$SH = \{sh_1, \dots, sh_a, \dots, sh_p\}, \quad a = \overline{1, p}, \quad (4)$$

где  $p$  – максимальное значение шкалы шагов.

Для примера определим шкалу шагов, состоящую из трех значений –  $SH = \{0, 1, 2\}$ , а шкалу оценок из шести значений –  $O = \{1, 2, 3, 4, 5, 6\}$ . В этом случае возникает необходимость равномерного распределения значений шкалы оценок по значениям шкалы шагов. Для этого необходимо разбить шкалу  $O$  на  $d$  интервалов:

$$d = \frac{r}{p} = \frac{6}{3} = 2. \quad (5)$$

При этом нужно учесть, что если  $r$  не делится на  $p$  нацело  $d \neq \text{цел.}$ , тогда:

$$d = \left\lceil \frac{r}{p} \right\rceil. \quad (6)$$

Исходя из этого, для приведенного примера оценки 1, 2 превращаются в нулевой шаг (мера слабая), 3, 4 – в единичный, 5, 6 – в двойной согласно следующему правилу:

$$o_j^{SH} = \begin{cases} sh_1, & j = \overline{1, d}, \\ sh_2, & j = \overline{d+1, 2d}, \\ sh_3, & j > 2d. \end{cases} \quad (7)$$

где  $j = \overline{1, 6}$ .

В итоге для приведенного примера получим равномерное распределение шкалы значений оценок хромосом по шкале шагов (табл. 1) [5].

**Таблица 1**

Распределение оценок по шкале шагов

Шкала шагов $SH$	0		1		2	
Шкала оценок $O$	1	2	3	4	5	6

Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования.

Такой подход «сглаживает» мелкие колебания экспертных суждений. Соседние баллы в пределах одного интервала перестают влиять на итоговую позицию решения, что на деле часто отражает реальную управленческую логику: разница между оценкой «3» и «4» в плане финансирования или реализации не столь критична, как разрыв между «2» и «5».

Далее, для каждой хромосомы вычисляется суммарный шаг  $S_i$ . Это простая сумма преобразованных значений всех генов:

$$S_i = \sum_{j=1}^m sh_{ij}. \quad (8)$$

На данном этапе включается модифицированный оператор «движения», который по сути является ключевой модификацией и реализуется в виде шкалы  $S$  – конечного дискретного множества [6]:

$$S = \{s_1, \dots, s_a, \dots, s_l\}, \quad (9)$$

где элемент  $s_a$  соответствует  $a$ -й позиции на шкале перемещения хромосомы, а  $l$  обозначает общую длину шкалы.

В начале работы метода все особи помещаются в нулевую позицию на шкале  $S$ . Далее, отсчитывается суммарный шаг каждой особи на шкале перемещения хромосом – тем самым реализуется их перемещение в пространстве. Особь с суммой  $S_i$  помещается в ячейку с соответствующим номером. Если номер превышает длину шкалы, отсчет начинается заново – срабатывает принцип цикличности [7]. Это создает замкнутое виртуальное поле, на котором особи в результате их перемещения группируются в коалиции  $G_k$ .

Вот тут действуют простые, но жесткие правила селекции:

1. Если в результате перемещения в ячейке оказалась одна особь ( $|G_k| = 1$ ), то она переходит в следующее поколение без скрещивания.

2. Коалиция из двух особей ( $|G_k| = 2$ ) реализует одноточечный кроссинговер с выбором случайной точки разрыва. Точка разрыва  $t$  выбирается случайным образом из диапазона  $\{1, 2, \dots, q - 1\}$ , где  $q$  – длина хромосомы.

3. Три и более особи в одной коалиции ( $|G_k| \geq 3$ ) – для скрещивания отбираются два антипода: с максимальным и минимальным значением суммарного шага внутри этой группы. Остальные особи переходят в следующее поколение без скрещивания [8].

Такой подход ломает привычную логику генетического алгоритма. Поиск «самого приспособленного» потомка среди всей популяции модифицируется в поиск крайних вариантов внутри локального скопления похожих решений и последующим столкновением их между собой. К удивлению, это хорошо работает для выхода из локальных оптимумов. С одной стороны, сохраняется генетическое разнообразие – одиночки и средние варианты не вымирают мгновенно [9]. С другой – направленная селекция внутри коалиции подталкивает популяцию либо к максимизации суммы шагов, либо к минимизации, в зависимости от задачи.

#### Результаты исследования и их обсуждение

Для иллюстрации работы метода рассмотрим конкретный пример.

Возьмем начальную популяцию  $M$  из четырех хромосом:

$$M = \{m_1, m_2, m_3, m_4\}, \quad (10)$$

каждая из которых длиной в четыре гена (оценок по критериям) множества  $K$ :

$$K = \{k_1, k_2, k_3, k_4\}, \quad (11)$$

Введем шкалу оценок генов хромосом  $O$  по каждому критерию:

$$O = \{1, 2, 3, 4, 5, 6\}, \quad (12)$$

Исходные оценки особей множества  $M$  по шкале  $O$  представлены в табл. 2.

Таблица 2

Оценки изначальной популяции особей  $M$  по шкале оценок  $O$

	$o^{k1}$	$o^{k2}$	$o^{k3}$	$o^{k4}$
$m_1$	3	2	6	4
$m_2$	4	6	1	4
$m_3$	5	3	2	1
$m_4$	4	6	5	3

Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования.

Далее, согласно приведенному выше алгоритму, с целью преобразования оценок генов хромосом в шаги вводится шкала шагов [10]:

$$SH = \{0, 1, 2\}. \quad (13)$$

Для перевода значений оценок генов хромосом в шаги также определяется количество интервалов  $d$  для деления шкалы оценок  $O$  согласно шкале шагов  $SH$ :

$$d = \frac{r}{p} = \frac{9}{3} = 3. \quad (14)$$

Согласно выражению (14) видно, что  $r \bmod p = 0$ . Тогда для данного случая шкала  $O$  будет разбита на три равных интервала согласно правилу:

$$o_j^{SH} = \begin{cases} 0, & j = \overline{1, 3}, \\ 1, & j = \overline{4, 6}, \\ 2, & j > 6. \end{cases} \quad (15)$$

где  $j = \overline{1, 6}$ .

После преобразования оценок в шаги получили следующие векторы  $m$  (табл. 3).

**Таблица 3**

Изначальная популяция особей с преобразованными оценками на основе шкалы шагов

	$o^{SH}_{ok1}$	$o^{SH}_{ok2}$	$o^{SH}_{ok3}$	$o^{SH}_{ok4}$
$m_1$	1	0	2	1
$m_2$	1	2	0	1
$m_3$	2	1	0	0
$m_4$	1	2	2	1

Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования.

Теперь можно приступить к моделированию процесса «движения» особей [11]. Для этого вводится шкала перемещений  $S$ , в которой конечное значение соответствует сумме шагов всех хромосом:

$$|S_t| = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m m_{ij}^s = 1 + 0 + 2 + 1 + 1 + 2 +$$

$$+ 0 + 1 + 2 + 1 + 0 + 0 + 1 + 2 + 2 + 1 = 17.$$

Следовательно, шкала  $S$  принимает вид

$$S = \{1, 2, 3, \dots, 17\}. \quad (17)$$

Вычислим позиции хромосом после первой итерации «движения»:

$$\begin{aligned} S_1 &= 1 + 0 + 2 + 1 = 4; \\ S_2 &= 1 + 2 + 0 + 1 = 4; \\ S_3 &= 2 + 1 + 0 + 0 = 3; \\ S_4 &= 1 + 2 + 2 + 1 = 6. \end{aligned} \quad (18)$$

В результате первой итерации особи  $m_1$  и  $m_2$  оказались в одной ячейке на шкале перемещений со значением суммы шагов, равным 4 и образовали коалицию  $G_1 = \{m_1, m_2\}$  [12]. Остальные особи разошлись по одиночным коалициям  $G_2 = \{m_3\}$ ,  $G_3 = \{m_4\}$ .

Ввиду полученного результата, реализуется одноточечное скрещивание особей  $m_1$  и  $m_2$  в коалиции  $G_1$  в точке разрыва  $t = 2$ :

$$G_1 = \left( \begin{matrix} m_1 = \{3, 2 | 6, 4\} \\ m_2 = \{4, 6 | 1, 4\} \end{matrix} \right) \rightarrow \left( \begin{matrix} m'_1 = \{3, 2, 1, 4\} \\ m'_2 = \{4, 6, 6, 4\} \end{matrix} \right). \quad (19)$$

Далее, у полученных потомков вычисляется сумма шагов, и из них выбирается тот, который переходит в следующее поколение:

$$\left( \begin{matrix} S'_1 = 1 + 0 + 0 + 1 = 2 \\ S'_2 = 1 + 2 + 2 + 1 = 6 \end{matrix} \right) \rightarrow m_{newG_1} = m'_2. \quad (20)$$

Для задачи поиска оптимального набора МОБ для обеспечения защищенности

объекта в следующее поколение прошел потомок с максимальным значением суммарного шага –  $m'_2$  [13]. На основе полученных результатов сформируем популяцию 1 (табл. 4).

**Таблица 4**

Популяция первого поколения

	$o^{k1}$	$o^{k2}$	$o^{k3}$	$o^{k4}$
$m_2$	4	6	6	4
$m_3$	5	3	2	1
$m_4$	4	6	5	3

Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования.

После нескольких итераций подобных циклических движений и скрещиваний популяция сжалась до единственного решения:

$$m_{final} = \{4, 3, 6, 4\}, S_{final} = 5. \quad (21)$$

Примечательно, что это не максимально возможная сумма по шкале. Решение лежит в среднем диапазоне. Это косвенно подтверждает, что алгоритм, избежав как заведомо слабых, так и нереалистично дорогих «идеальных» наборов, нашел сбалансированную комбинацию МОБ, что, пожалуй, является более ценным результатом, чем погоня за абстрактным максимумом, особенно в условиях жестких бюджетных ограничений [14].

На практике внедрение подобных численных методов в деятельность объектов защиты всегда упирается в необходимость интерпретации результатов. Сотруднику по безопасности нужен не вектор чисел, а конкретный перечень: «Усилить комплекс охранного видеонаблюдения, модернизировать подсистему охранного освещения, заменить пролет ограждения на периметре объекта». Обратное декодирование генов в управленческие решения – отдельная задача, которая пока решается путем сопоставления идентификаторов МОБ [15]. В результате работы алгоритма получается не просто набор МОБ, а набор, проверенный на предмет внутренней непротиворечивости и взаимного усиления. Там, где человек видит два десятка пунктов предписания, машина видит коалицию генов, которая движется дальше других по виртуальной шкале защищенности.

### Заключение

Модифицированный генетический алгоритм отказывается от скалярной функции приспособленности. Механика виртуаль-

ного перемещения разбивает популяцию на коалиции, в результате чего скрещивание идет между крайними вариантами внутри группы. Вычислительная нагрузка снижается даже для большого перечня МОБ, а дискретизация экспертных баллов в шаги сглаживает неизбежный субъективизм оценок.

Моделирование данного процесса показало: итоговый набор МОБ не стремится к теоретическому максимуму, а лежит в среднем диапазоне. С точки зрения управления это более реалистичный результат. Сбалансированная комбинация МОБ реальнее для внедрения при урезанном бюджете. Полученный перечень проверен на внутреннюю непротиворечивость. Гены в коалициях взаимно усиливают друг друга. Инструмент пригоден для поддержки решений при нехватке точных данных.

### Список литературы

1. Хвостов В. А., Рогозин Е. А., Никулина Е. Ю. Направления и перспективы использования эволюционных методов обоснования требований к безопасности информации автоматизированных систем // Вестник Воронежского института МВД России. 2015. № 4. С. 198–204. EDN: VDKUZF.
2. Тарасов А. Д. Адаптивный генетический алгоритм в задаче проектирования систем физической защиты критически важных объектов // Вестник компьютерных и информационных технологий. 2016. № 1 (139). С. 23–31. DOI: 10.14489/vkit.2016.01.pp.023-031. EDN: VHITIV.
3. Тарасов А. Д. Эффективность работы генетического алгоритма в задаче проектирования систем физической защиты // Информационные технологии. 2016. Т. 22. № 4. С. 243–249. EDN: VVAEDP.
4. Сергеев Н. П., Степанов Л. В., Дурденко В. А. Математическое моделирование оценки защищенности объекта уголовно-исполнительной системы на основе модифицированного генетического алгоритма // Инженерный вестник Дона. 2025. № 12 (132). EDN: YCXWVY.
5. Боровский А. С., Тарасов В. Н. Анализ результатов работы генетического алгоритма в задаче оптимального размещения средств инженерно-технической защиты на объекте // Интеллект. Инновации. Инвестиции. 2014. № 3. С. 51–58. EDN: STAFYX.
6. Дровникова И. Г., Змеев А. А., Рогозин Е. А. Частная методика формирования требований к системам защиты информации от несанкционированного доступа в автоматизированные системы с использованием генетического алгоритма // Вестник Дагестанского государственного технического университета. Технические науки. 2018. Т. 45. № 3. С. 114–122. DOI: 10.21822/2073-6185-2018-45-3-114-122. EDN: USBTUF.
7. Космачева И. М., Давидюк Н. В., Сибкина И. В., Кучин И. Ю. Модель оценки эффективности конфигурации системы защиты информации на базе генетических алгоритмов // Моделирование, оптимизация и информационные технологии. 2020. Т. 8. № 3 (30). DOI: 10.26102/2310-6018/2020.30.3.022. EDN: RHTJEA.
8. Сергеев Н. П., Степанов Л. В. Математическое моделирование и численные методы оценки режима безопасности в УИС // Вестник Воронежского института ФСИИ России. 2025. № 2. С. 138–145. EDN: FGOGIS.
9. Мурзакова А. А., Мурзакова Е. А., Паюсова Т. И. Проектирование оптимальной системы защиты информации с использованием генетического алгоритма // Математическое и информационное моделирование: сборник научных трудов. Вып. 16. Тюмень: Тюменский государственный университет, 2018. С. 331–340. EDN: UZXXOX.
10. Первов К. С., Хафизов Ф. Ш., Васильев Д. В., Озден И. В. Анализ и оптимизация алгоритмов управления техносферной безопасностью на основе нечетких когнитивных карт // Нефтегазовое дело. 2022. № 1. С. 28–50. DOI: 10.17122/ogbus-2022-1-28-50. EDN: DOJHCT.
11. Васильев В. И., Вульфин А. М., Кириллова А. Д. Анализ и управление рисками информационной безопасности АСУ ТП на основе когнитивного моделирования // Моделирование, оптимизация и информационные технологии. 2022. Т. 10. № 2 (37). DOI: 10.26102/2310-6018/2022.37.2.022. EDN: FKRMPL.
12. Израйлов К. Е. Генетический реверс-инжиниринг программ для поиска уязвимостей // Вестник Санкт-Петербургского университета Государственной противопожарной службы МЧС России. 2025. № 1. С. 109–119. DOI: 10.61260/2218-130X-2025-1-109-119. EDN: UHFRBI.
13. Гребенюк Г. Г., Никишов С. М., Серeda Л. А. Анализ уязвимости сложных сетевых инфраструктур с применением генетического алгоритма // Проблемы управления. 2021. № 6. С. 52–59. DOI: 10.25728/ru.2021.6.5. EDN: VWLMPW.
14. Степанов Л. В., Паринин А. В., Кольцов А. С., Сергеев Н. П. Особенности решения задач оптимизации на основе математических методов // Вестник Воронежского института ФСИИ России. 2022. № 4. С. 177–181. EDN: AKRSZO.
15. Гладков Л. А., Курейчик В. В., Курейчик В. М. Генетические алгоритмы. М.: Физико-математическая литература, 2009. 320 с. ISBN 978-5-9221-1118-8. EDN: MUWRYJ.

**Конфликт интересов:** Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

**Conflict of interest:** The author declares that there is no conflict of interest.

**Финансирование:** Автор заявляет об отсутствии внешнего финансирования.

**Financing:** The research was performed without external funding.