Zadanie 1.

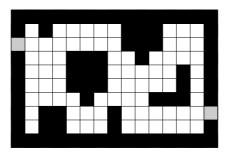
Algorytmy genetyczne w poszukiwaniu drogi w labiryncie

1 Problem

Napisać program implementujący prosty algorytm genetyczny przeznaczony do poszukiwania drogi w labiryncie.

2 Reprezentacja problemu

Obszar poszukiwań pokrywamy kwadratową kratą. Liczba oczek kraty zależy od stopnia złożoności pejzażu, w którym porusza się agent (np. robot). Przykładowy labirynt przedstawia poniższy rysunek:



Rysunek 1: Przykładowy labirynt. Wejście i wyjście wskazują szare kwadraty. Przeszkody oznaczono czarnymi kwadratami.

Pokrywamy go siatką w kwadratów dobierając odpowiednio rozmiar oczka. W naszym przypadku potrzebujemy 10×15 kwadratów. Do reprezentacji uzyskanej w ten sposób przestrzeni poszukiwań zastosujemy tablicę int [] [] o wymiarze 10×15 . Tablicę tę wypełniamy następująco:

Poszczególne wartości mają poniższą interpretację:

- 0 biały kwadrat (pusta przestrzeń)
- 1 czarny kwadrat (przeszkoda)
- 2 szary kwadrat, WEJŚCIE
- 4 szary kwadrat, WYJŚCIE

3 Reprezentacja rozwiązania

Załóżmy, że agent może poruszać się w jednym z czterech kierunków: Lewo, Prawo, Góra, Dół. Będziemy je reprezentować w postaci liczb binarnych z zakresu $\{0,\ldots,3\}$, np:

00 - Lewo

01 - Prawo

10 - G

11 - Dół

W takim przypadku przykładowy ciąg bitów (tzn. chromosom)

111110011011101110010100

reprezentuje sekwencję 12 ruchów

11 11 10 01 10 11 10 11 10 01 01 00

której odpowiada 12 rzeczywistych ruchów agenta:

 $\ \, D\ \, D\ \, G\ \, P\ \, G\ \, D\ \, G\ \, D\ \, G\ \, P\ \, P\ \, L$

Aby zrealizować daną sekwencję, ustawiamy agenta w punkcie startowym i wykonujemy kolejne ruchy. Jeżeli dany ruch sprawia, że agent trafia w przeszkodę, ignorujemy go i wykonujemy kolejny w danej sekwencji ruch. Postępowanie to jest kontynuowane albo do chwili wykonania ostatniego genu (pozycji w chromosomie), albo do osiągnięcia wyjścia z labiryntu (zależy, które z tych zdarzeń zajdzie jako pierwsze).

4 Ocena rozwiązania

Do oceny chromosomu stosujemy odległość Manhattan między punktem (X_i, Y_i) , w którym dany agent (o numerze i) zatrzymał się po wykonaniu instrukcji zawartych w tym chromosomie, a punktem (X_g, Y_g) reprezentującym współrzędne wyjścia. Jakość f_i i-tego chromosomu jest odwrotnie proporcjonalna do tejże odległości, tzn.

$$f_i = \frac{1}{|X_i - X_g| + |Y_i - Y_g| + 1}$$

5 Parametry

Przyjąć następujące parametry:

- długość chromosomu l=70, tzn. agent może wykonać maksymalnie 35 ruchów;
- rozmiar populacji m = 150;
- prawdopodobieństwo krzyżowania $p_c = 0.7$
- prawdopodobieństwo mutacji $p_m = 0.7$

6 Pytania

- (a) Sprawdzić jak szybko program znajduje rozwiązania dla podanego wyżej zestawu parametrów. Wykonać wykres obrazujący wartość dopasowania najlepszego osobnika w populacji w kolejnych iteracjach. Czy zmniejszenie rozmiaru populacji do 50 osobników wpływa na szybkość znalezienia rozwiązania? W celu podania miarodajnej odpowiedzi wykonać 30 przebiegów algorytmu genetycznego i podać uśrednioną liczbę iteracji koniecznych do znalezienia rozwiązania.
- (b) Porównać selekcję proporcjonalną z selekcją turniejową. W selekcji proporcjonalnej prawdopodobieństwo p_i wybrania i-tego osobnika jest równe

$$p_i = \frac{f_i}{\sum_{i=1}^m f_i}$$

W przypadku selekcji turniejowej aby wybrać pierwszego rodzica losujemy (bez powtórzeń) $k \geq 2$ osobników i zwracamy najlepszego (o największej wartości funkcji f) z nich. Do wyboru drugiego rodzica stosujemy analogiczną metodę. Sprawdzić wpływ rozmiaru turnieju k na jakość rozwiązania.

(c) Porównać efektywność algorytmu genetycznego z algorytmem A^* .

UWAGA: Program, najlepiej w języku Java, powinien być zaopatrzony w komentarze dotyczące roli ewentualnych klas, używanych w nich poszczególnych metod, oraz przeznaczenia użytych zmiennych.