

# Solving the Area Coverage Problem for Heterogeneous Robot Fleets using Decentralized Optimization

Georg Alberding

Betreuer:

M.Sc. Thomas Schöpping  
Prof. Dr.-Ing. Ulrich Rückert

19. Mai 2021

# Inhaltsverzeichnis

1. Motivation
2. Genetischer Algorithmus
3. Pfadgenerierung
4. Entwurfsraum-Exploration
5. Multi-Robot Scenario
6. Zusammenfassung

# Ziel

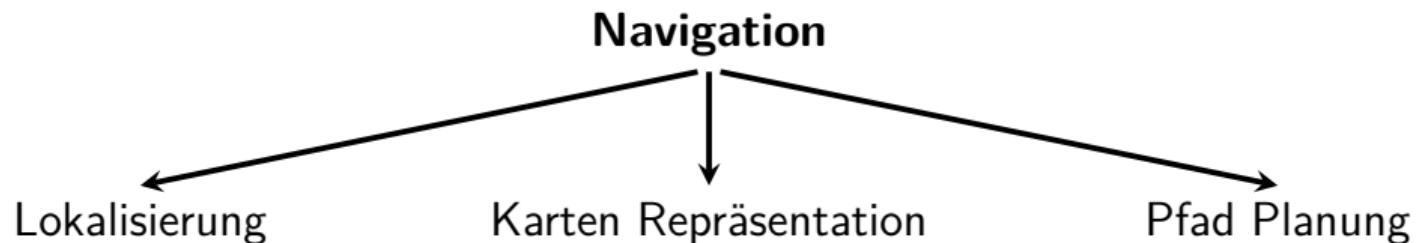
- Pfadplanung für Reinigungsroboter
  - ⇒ Hohe abdeckung der Zielregion
  - ⇒ Wenig Redundanzen
  - ⇒ Keine heuristischen Annahmen über den Pfad
- Entwurf eines geeigneten Optimierungsverfahrens
  - ⇒ Skallierbarkeit bzgl. Fläche und Anzahl Roboter

# Area Coverage Problem

- Abdeckung einer Zielregion mit Roboter-Wirkungsbereich
- Navigation ist erforderlich!

# Area Coverage Problem

- Abdeckung einer Zielregion mit Roboter-Wirkungsbereich
- Navigation ist erforderlich!



# Applikationen

- Reinigungs Roboter
- Such- und Rettungs-Missionen
- Automatisierung in Landwirtschaft
- Geophysikalische Untersuchungen



# Applikationen

- Reinigungs Roboter
- Such- und Rettungs-Missionen
- Automatisierung in Landwirtschaft
- Geophysikalische Untersuchungen

## Restriktionen

- Roboter Geometrie
- Geschwindigkeit
- Kollisionen
- Limitierte Ressourcen

## Lösungen:

- Effektive Pfadplanung
- Mehr Roboter

# Coverage Path Planning (CPP)

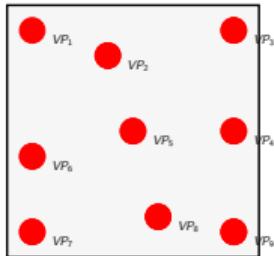
## Ziele

- Zielregion soll vollständig besucht werden
- Minimale Redundanzen
- Hindernisse vermeiden
- Einfache Bewegungstrajektorie
- Berechneter Pfad soll optimal sein

⇒ **Grundlage für mehrere Roboter**

# Coverage Path Planning (CPP)

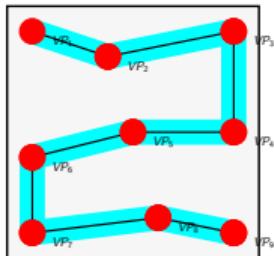
## 1. Wegpunkte bestimmen



Komplexität

- Ähnlichkeit zu TSP
- NP-Hard

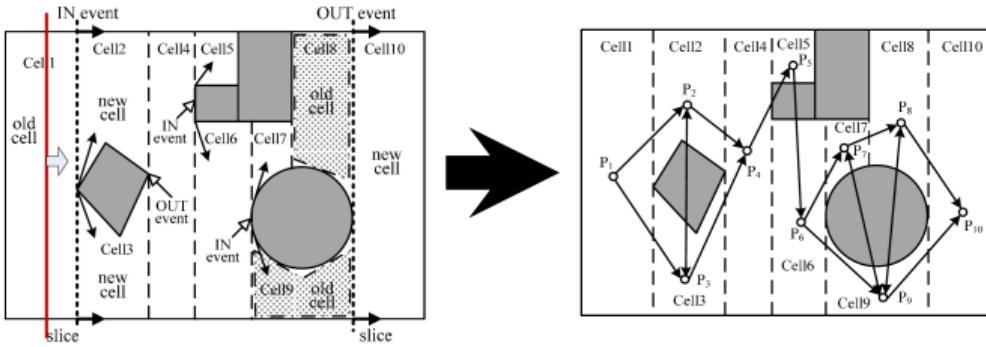
## 2. Reihenfolge festlegen



⇒ Erfordert Optimierungsverfahren

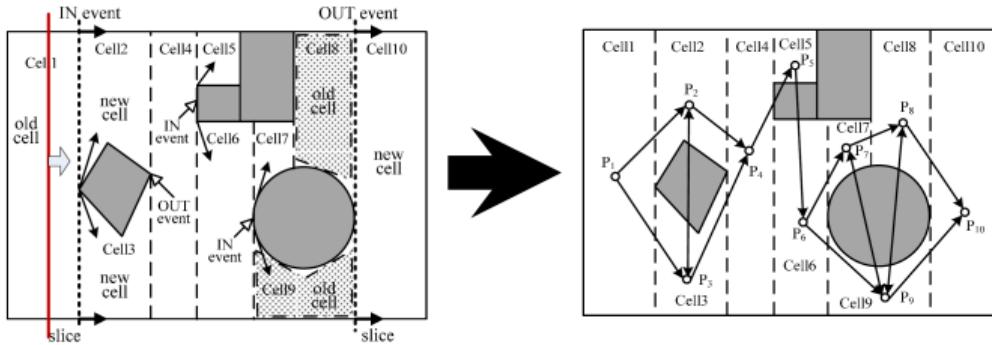
# Cell Decomposition

- Fluss Netzwerk + Template Pfad

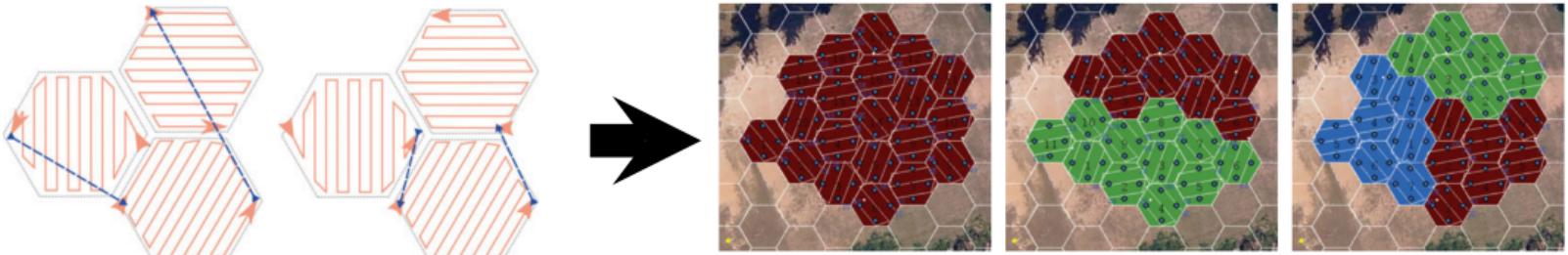


# Cell Decomposition

- Fluss Netzwerk + Template Pfad



- Hexagonale Decomposition

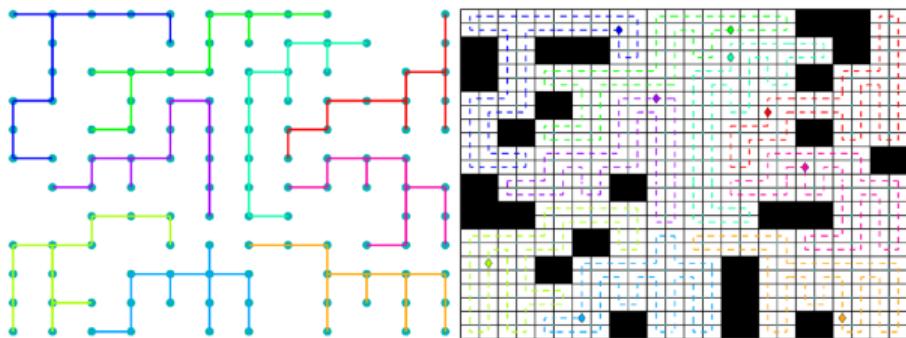
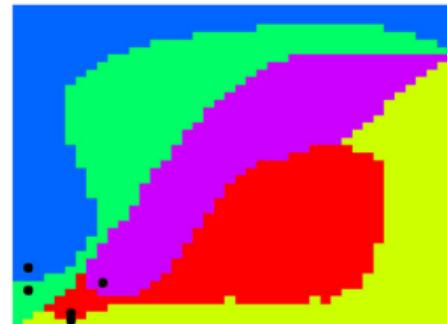


# Clusterbildung

- Modified Bacteria Foraging Optimization (MBFO)

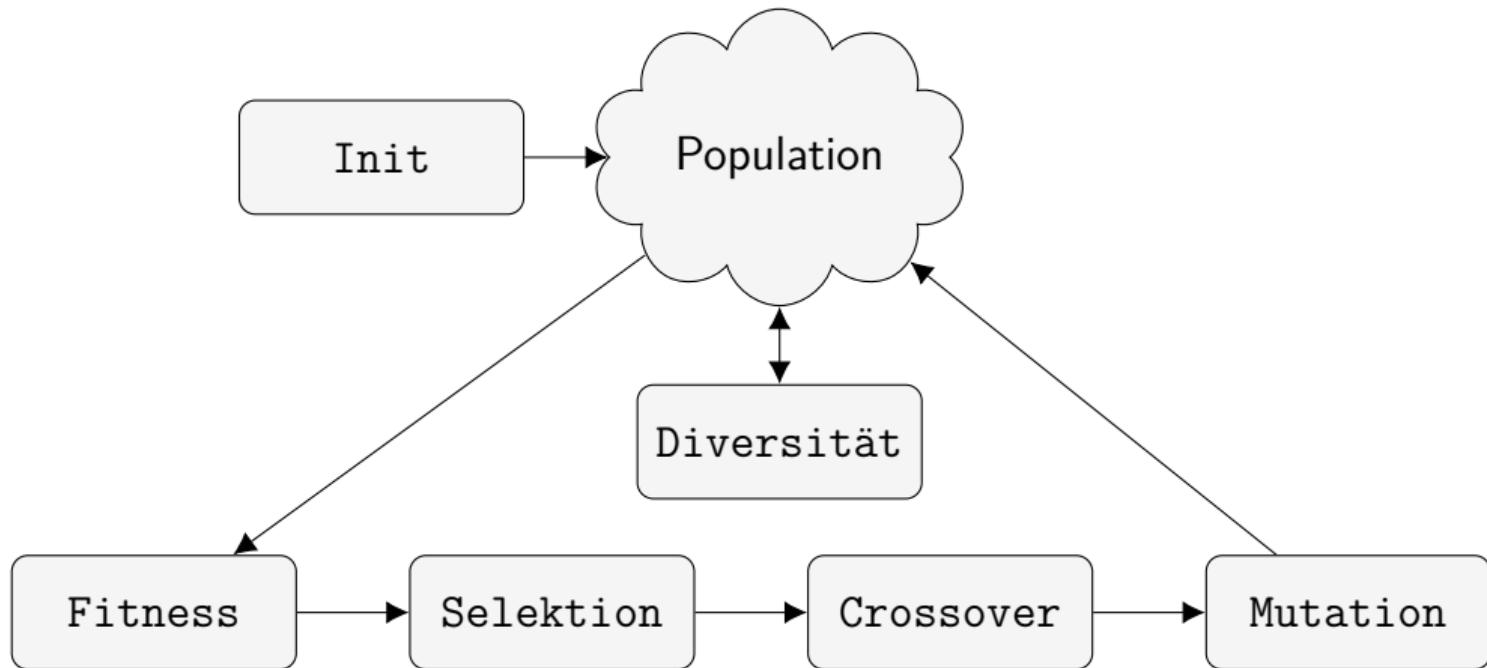


- Divide Areas Based on initial Robot Position (DARP)

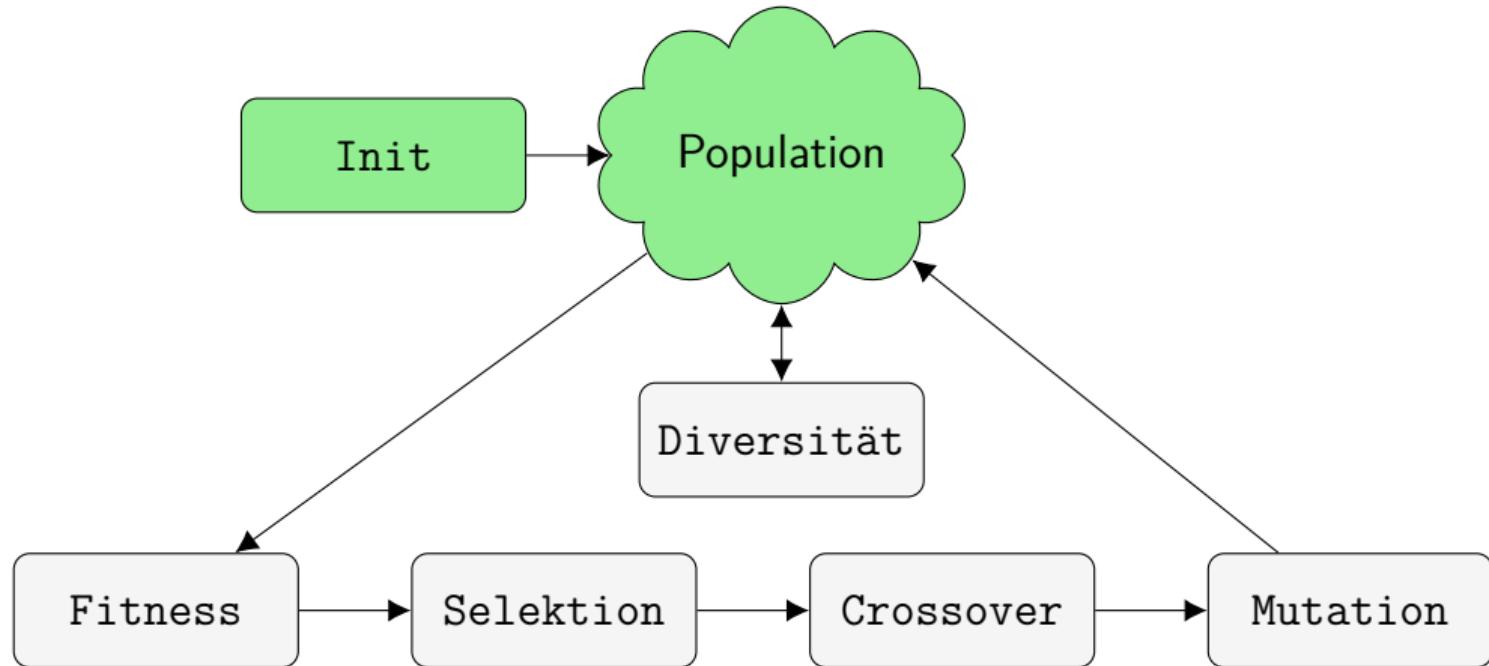


# Genetischer Algorithmus

# Genetischer Algorithmus



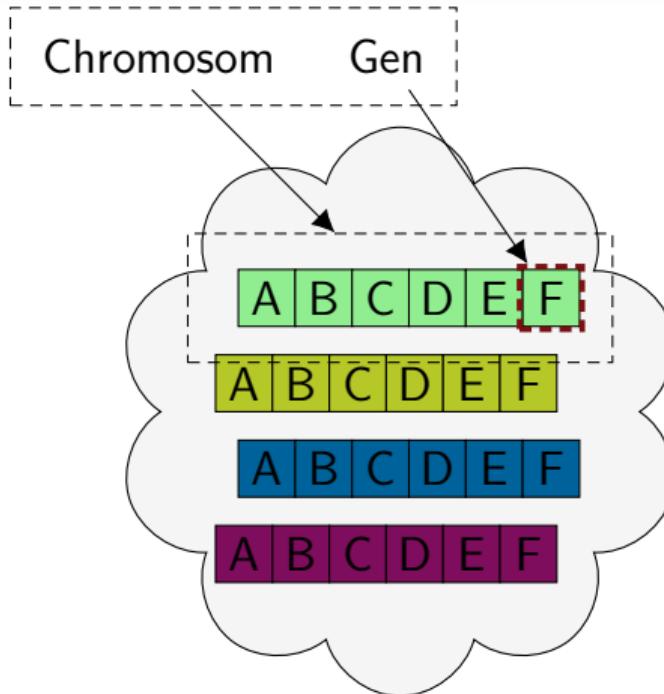
# Genetischer Algorithmus



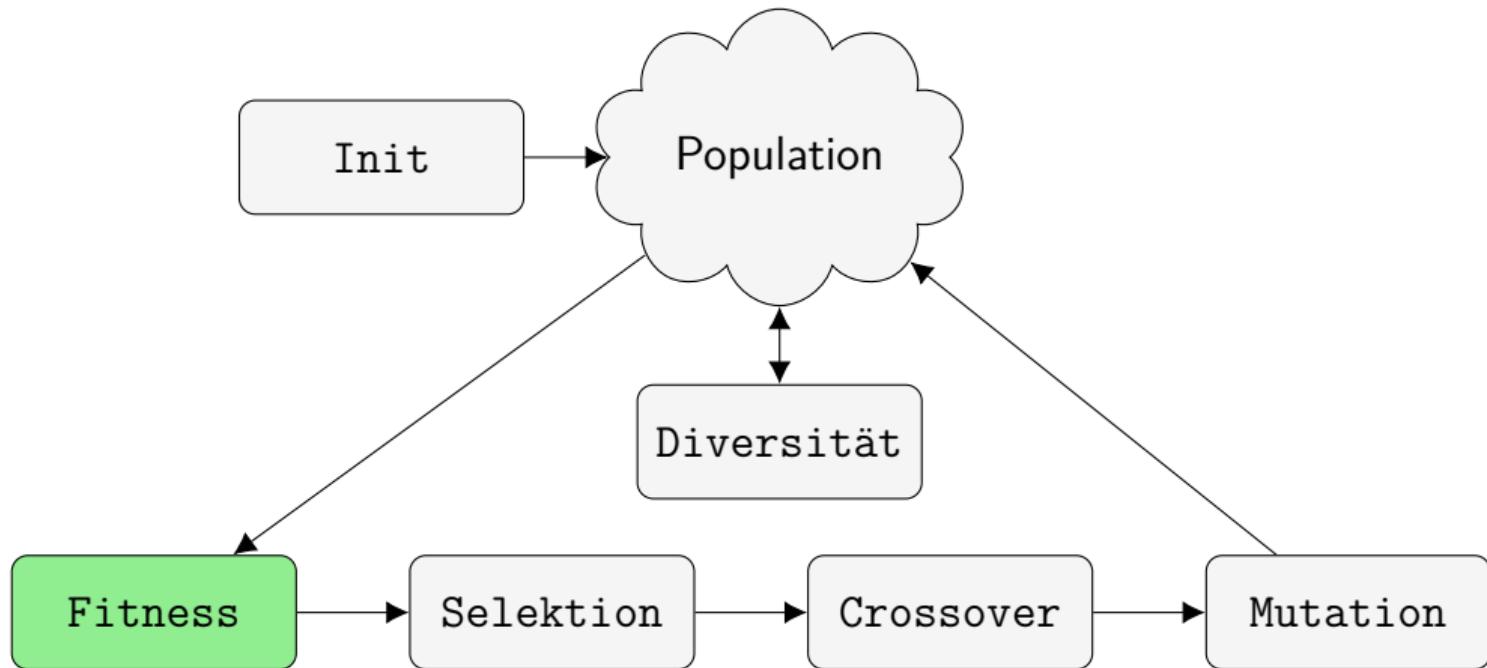
# Population

- **Genom**  $\hat{=}$  Lösung  
für Optimierungsproblem
- Repräsentation ist  
Problemspezifisch

**Genom:**



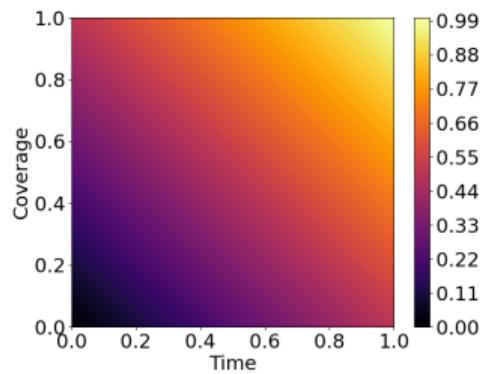
# Genetischer Algorithmus



# Fitness

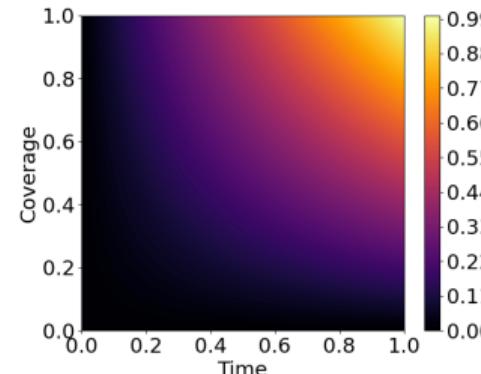
- **Zielfunktion** des Optimierungsproblem
- **Qualitätsmaß** für Genome

Linear



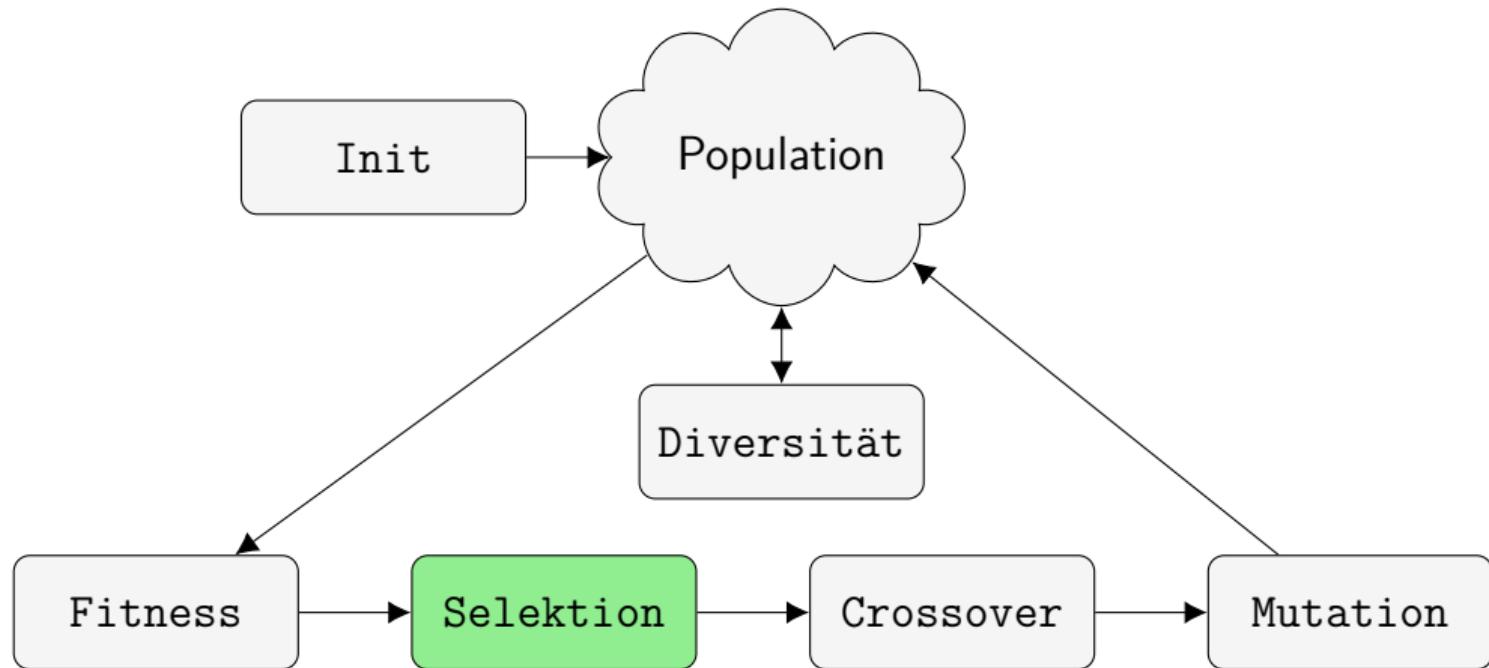
$$f_{lin}(cov, t) = \frac{1}{2}(cov + t)$$

Nicht-Linear



$$f_{nonlin}(cov, t) = cov \cdot t$$

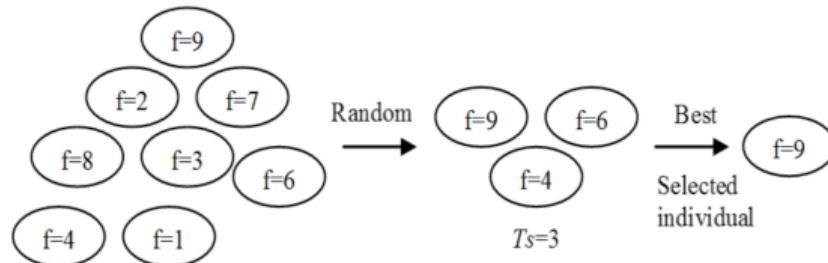
# Genetischer Algorithmus



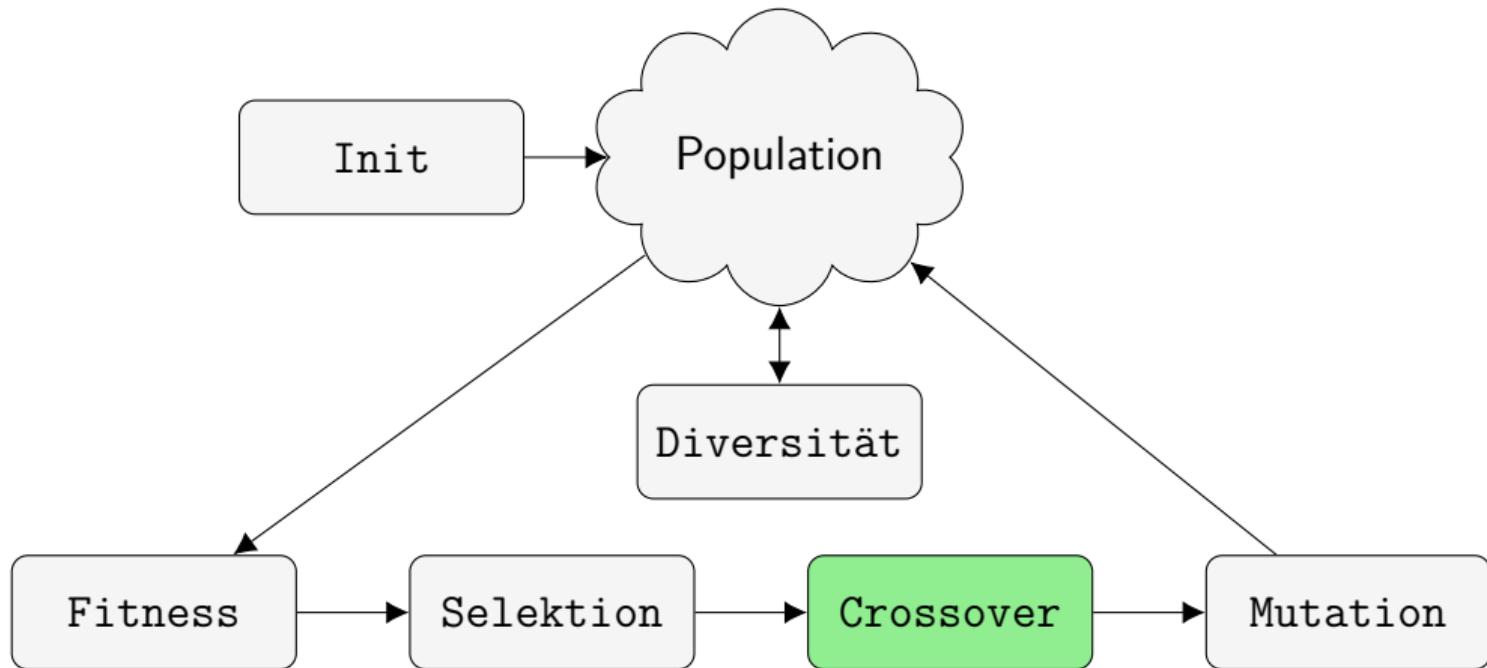
# Selektion

- Auswahl der **besten Individuen** anhand der Fitness
- Steuert Suchprozess durch **Selektionsdruck**
- Viele Varianten: Tournament, Roulettewheel, Elite, ...

## Tournament Selektion



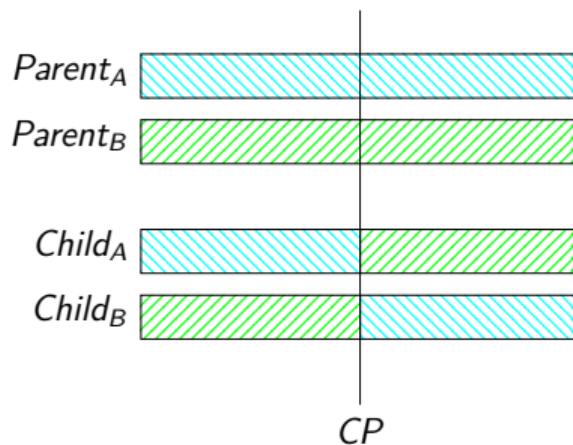
# Genetischer Algorithmus



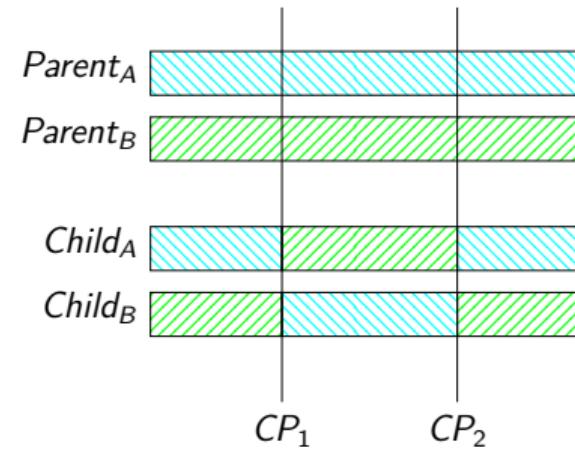
# Crossover

- Rekombination selektierter Genome
- Fitte Individuen führen zu **fitten Nachkommen**

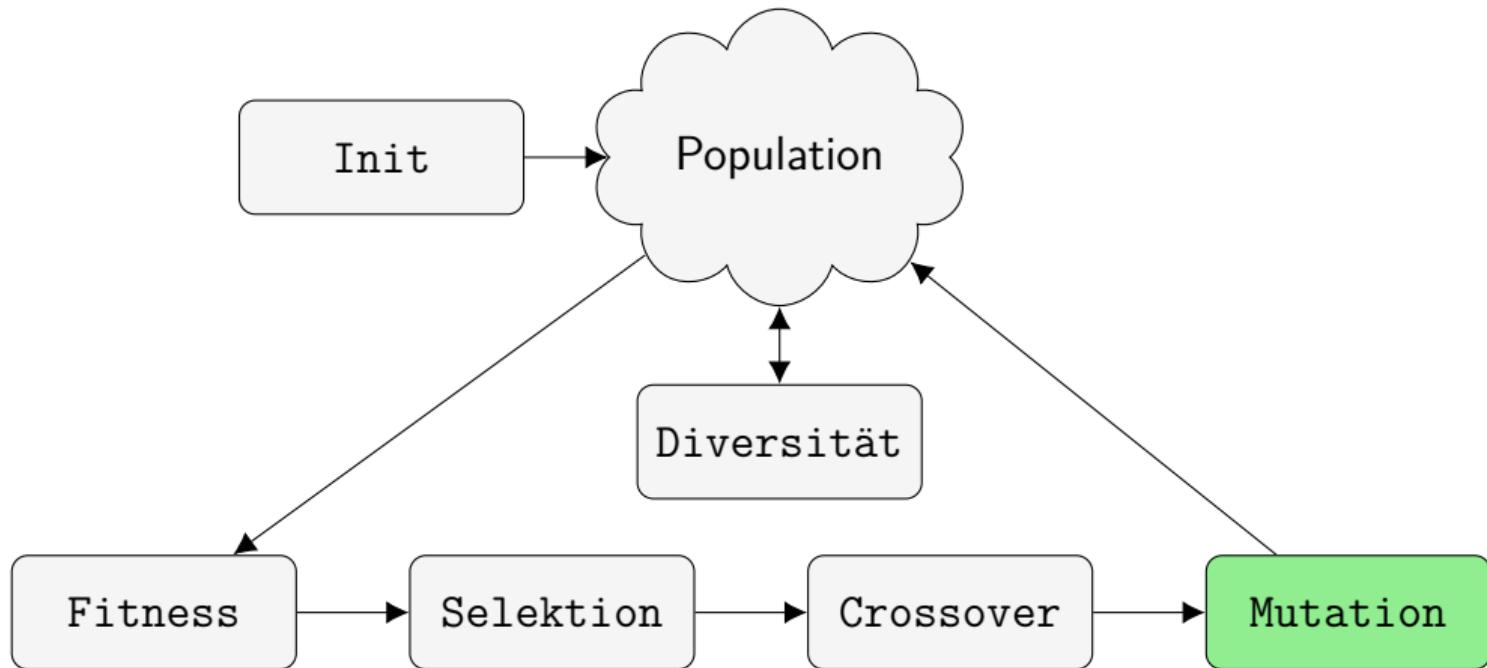
Single-Point



Dual-Point

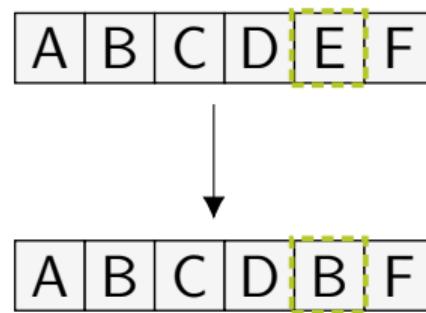


# Genetischer Algorithmus

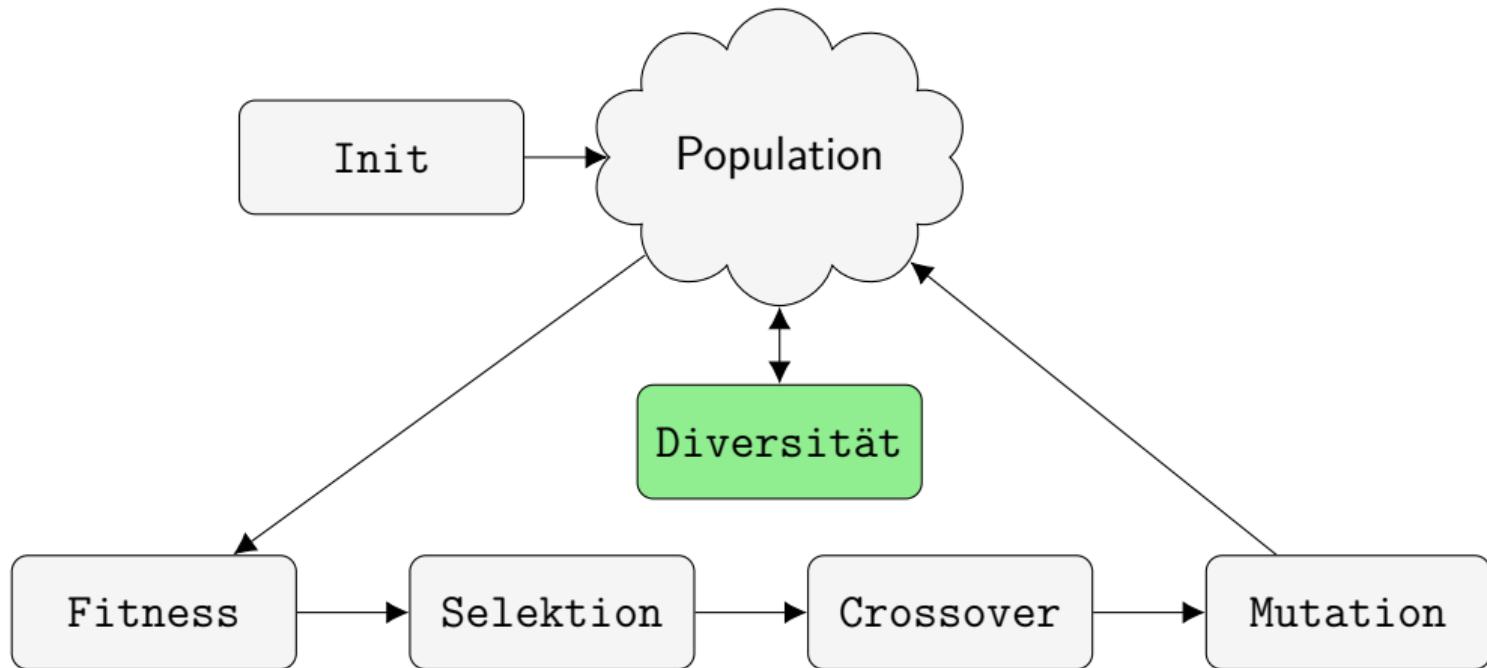


# Mutation

- Globaler Such-Operator
- Angewendet auf Nachkommen
- Zufällige **Modifikation einzelner Gene**
- Implementation hängt von Genom ab

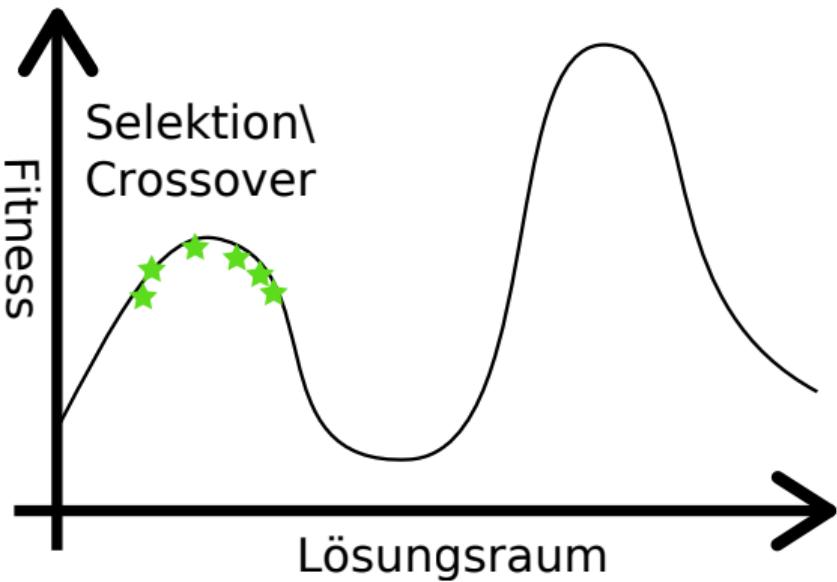


# Genetischer Algorithmus



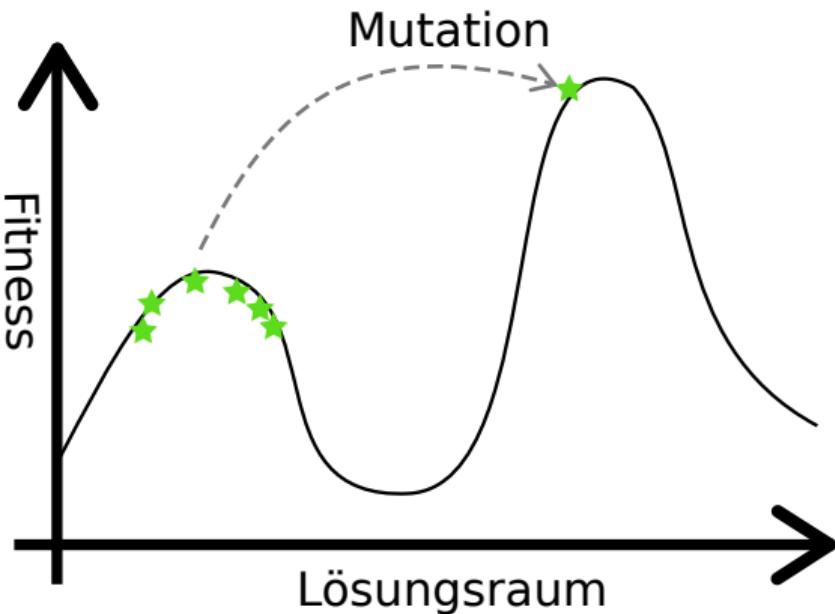
# Diversität

- **Abstands-Maß** zwischen Genomen
- Niedrige Diversität führt zu verfrühter Konvergenz
- Selektion, Crossover (lokale Suche) **verringern** Diversität



# Diversität

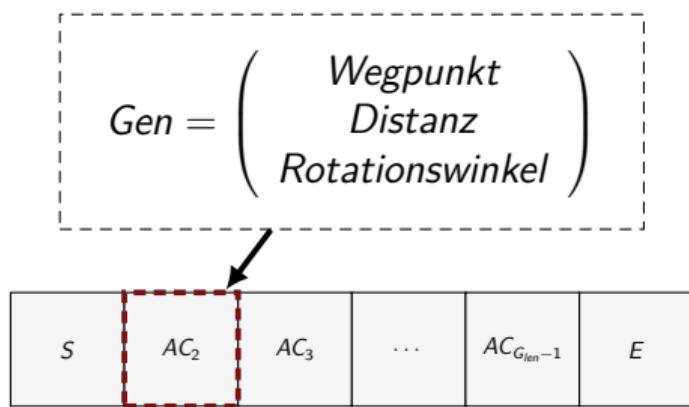
- **Abstands-Maß** zwischen Genomen
- Niedrige Diversität führt zu verfrühter Konvergenz
- Selektion, Crossover (lokale Suche) **verringern** Diversität
- Mutation (globale Suche) **erhöht** Diversität



# Pfadgenerierung

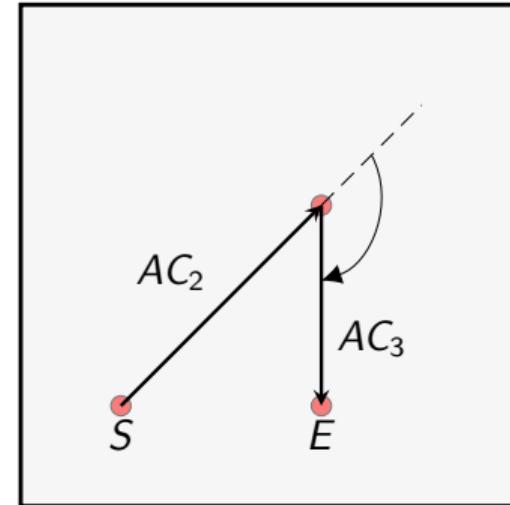
# Genomrepräsentation

- Chromosom besteht aus Aktionen
- Variable Chromosomslänge



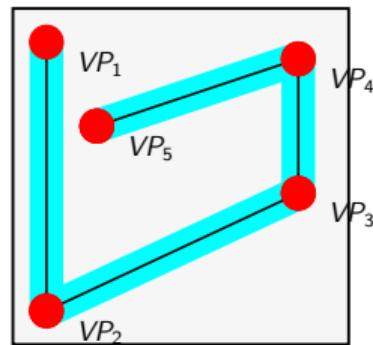
Beispiel

S	AC <sub>2</sub>	AC <sub>3</sub>	E
---	-----------------	-----------------	---



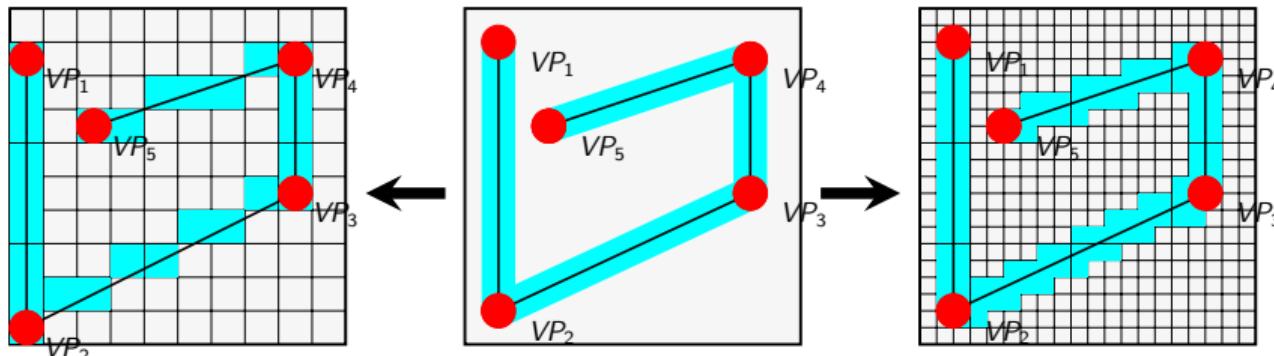
# Pfad-Approximation

Berechnung von **Abdeckung** und **Redundanzen** durch Approximation



# Pfad-Approximation

Berechnung von **Abdeckung** und **Redundanzen** durch Approximation



$$M_{res} = R_{width}$$

$$M_{res} = R_{width}/2$$

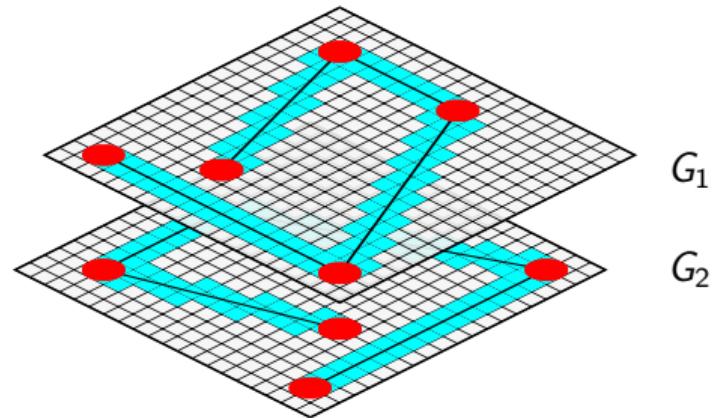
Jede Zelle kann **nicht, einfach oder mehrfach** besucht werden.

# Diversität

## Problem:

Unterschiedliche Chromosomlängen

- Keine festgelegten Positionen mehr
  - Struktureller Vergleich nicht zuverlässig
- ⇒ Vergleich zwischen Pfad-Approximationen



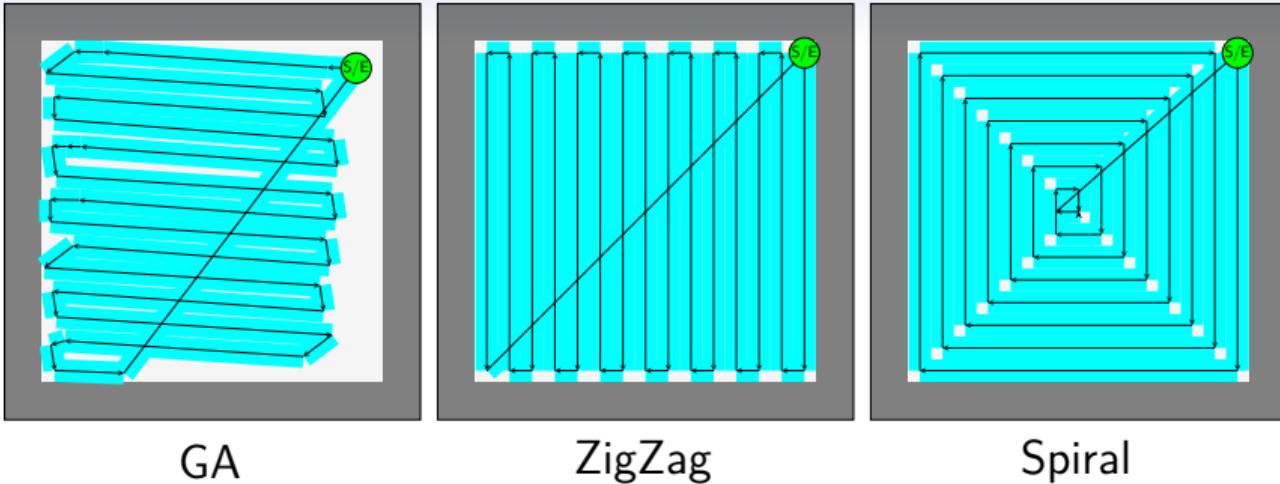
$$Dist(G_1, G_2) = \sum_i \sum_j \|G_1^{i,j} - G_2^{i,j}\|$$

# Entwurfsraum Exploration

# Variabler Parameter-Raum

Parameter	Elite	Turn	PRWS	RRWS
$f_{obstacle}$	$f_1, f_2$	$f_1, f_2$	$f_1, f_2$	$f_1, f_2$
$R_{rot}$	0, 6.28	0, 6.28	0, 6.28	0, 6.28
$M_{type}$	1, 2	1, 2	1, 2	1, 2
$keep$	-	1, 10	1, 10	1, 10
$select$	-	10, 20	10, 20	10, 20
$TS$	-	3, 7	-	-
$SP$	-	-	-	1.4, 2
$C_{len}$	0.2, 0.4, 0.6, 0.8	0.2, 0.4, 0.6, 0.8	0.2, 0.4, 0.6, 0.8	0.2, 0.4, 0.6, 0.8
$C_{child}$	0, 1, 2	0, 1, 2	0, 1, 2	0, 1, 2
$P_{mA}$	0.0, 0.1, 0.01	0.0, 0.1, 0.01	0.0, 0.1, 0.01	0.0, 0.1, 0.01
$P_{mI}$	0.0, 0.1, 0.01	0.0, 0.1, 0.01	0.0, 0.1, 0.01	0.0, 0.1, 0.01

# Optimierte Pfade



GA

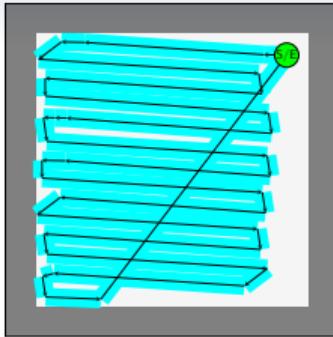
ZigZag

Spiral

## Fitness

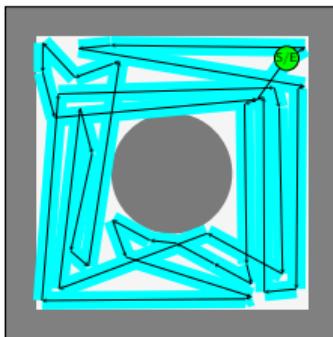
Pfad	Abdeckung	Zeit	$f_{lin}$
GA	0.82	0.92	0.87
ZigZag	0.96	0.87	0.91
Spiral	0.97	0.92	0.95

# Pfadadaptation



(1.1)

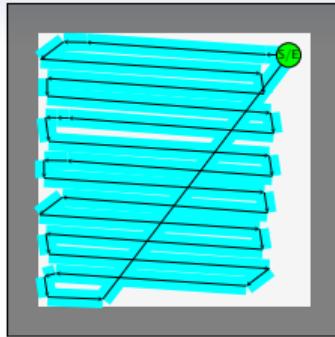
Fitness			
Pfad	Abdeckung	Zeit	$f_{lin}$
(1.1)	0.82	0.92	0.87



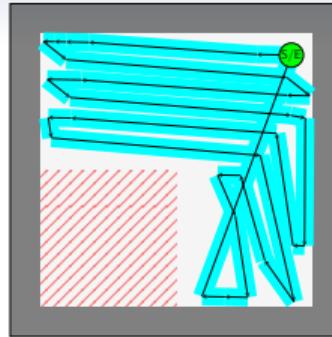
(2.1)

(2.1)	0.85	0.83	0.84
-------	------	------	------

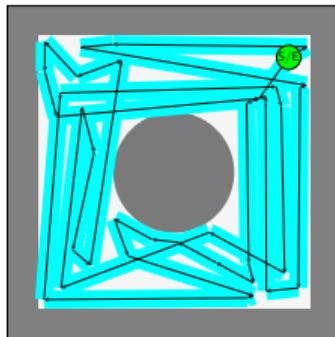
# Pfadadaptation



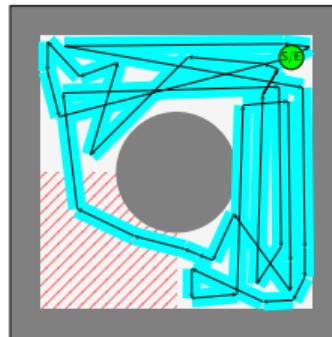
(1.1)



(1.2)



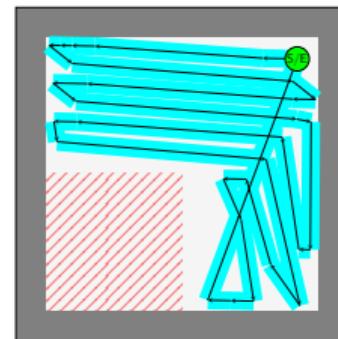
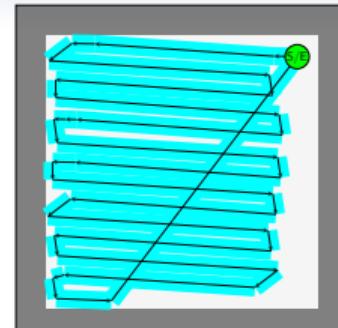
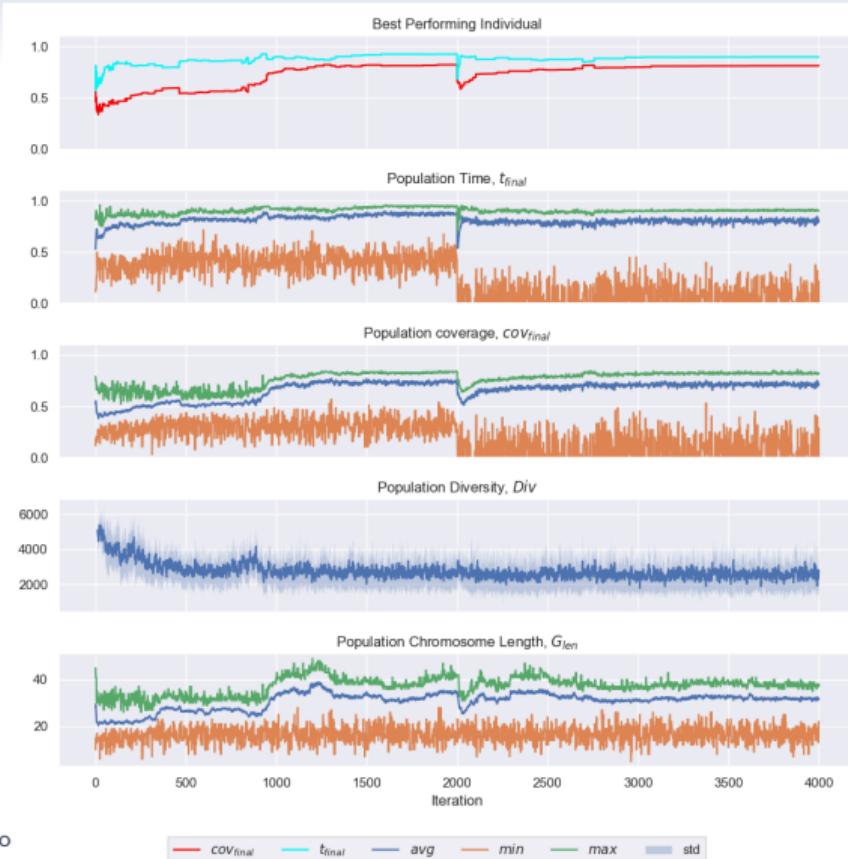
(2.1)



(2.2)

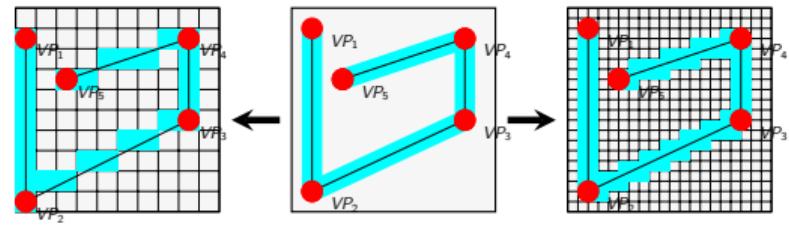
Fitness			
Pfad	Abdeckung	Zeit	$f_{lin}$
(1.1)	0.82	0.92	0.87
(1.2)	0.81	0.89	0.85
(2.1)	0.85	0.83	0.84
(2.2)	0.89	0.69	0.79

# Optimierung



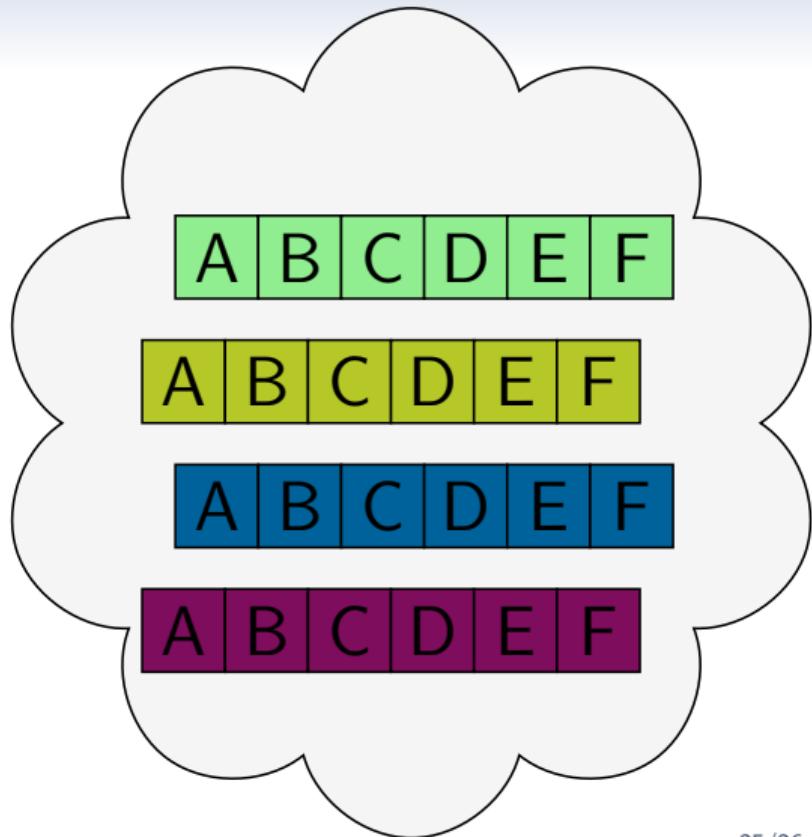
# Ausblick

- Alternativer Ansatz für Abdeckung



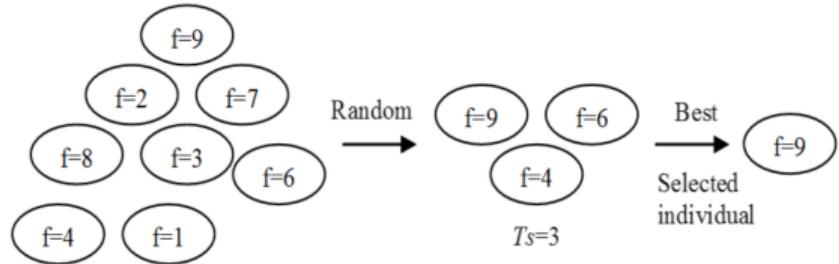
# Ausblick

- Alternativer Ansatz für Abdeckung
- Berücksichtigung der Populationsgröße



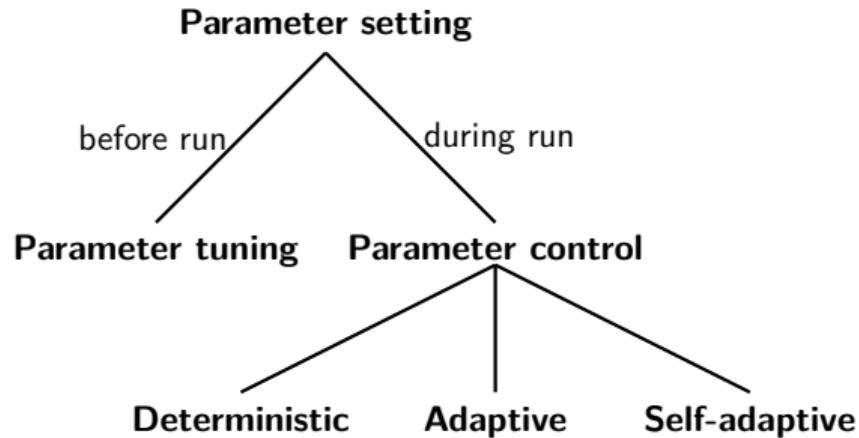
# Ausblick

- Alternativer Ansatz für Abdeckung
- Berücksichtigung der Populationsgröße
- Verfeinerung der Selektionsverfahren



# Ausblick

- Alternativer Ansatz für Abdeckung
- Berücksichtigung der Populationsgröße
- Verfeinerung der Selektionsverfahren
- Adaptive Parameter



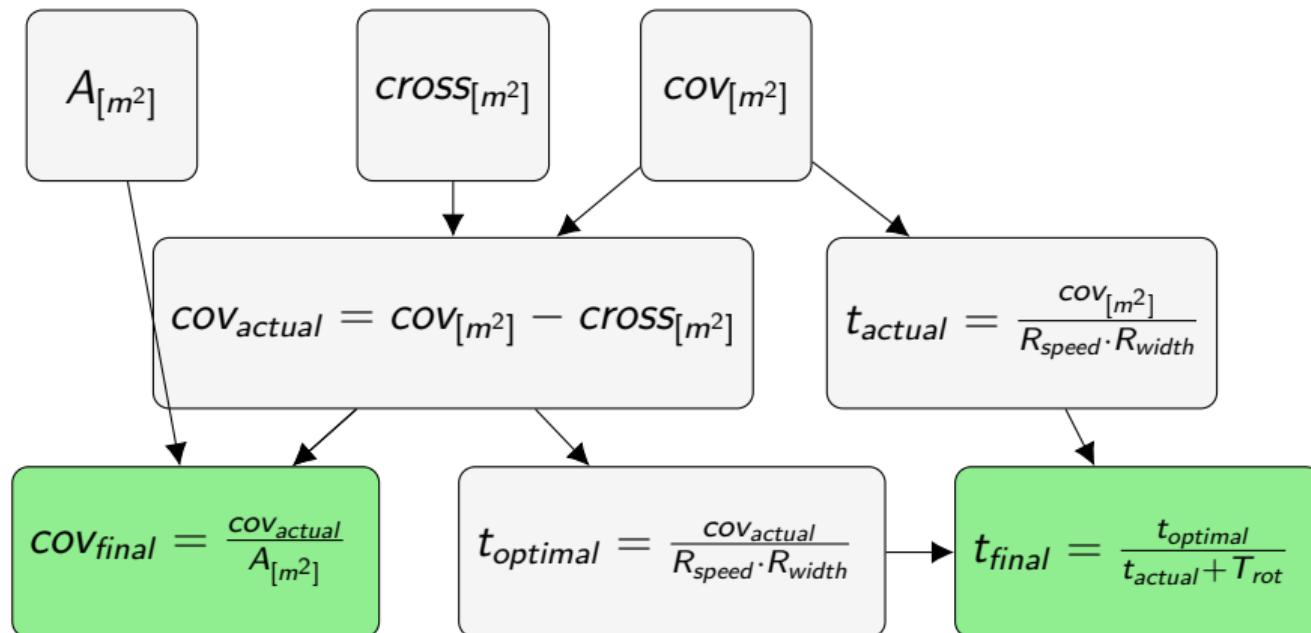
# Zusammenfassung

- Pfadplanung
  - Generierte Pfade im kontinuierlichen Raum
  - Approximation der Abdeckung und Redundanzen
- Genetische Algorithmen
  - Spezifische Genomrepräsentation (variable Länge)
  - Modifizierte Operatoren
  - Abstandsmaß für Diversität
  - Exploration des Entwurfsraums
- Multi-Robot Pfadadaptierung

Vielen Dank für  
die Aufmerksamkeit

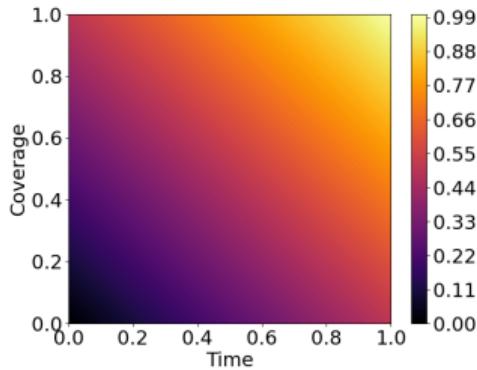
# Backup

# Fitness Berechnung

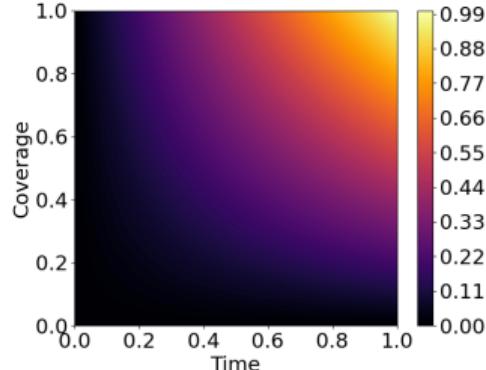


# Fitness Projektion

$$f_1(cov, t) = \frac{1}{2}(cov + t)$$



$$f_2(cov, t) = cov \cdot t$$



Hindernis Vermeidung:

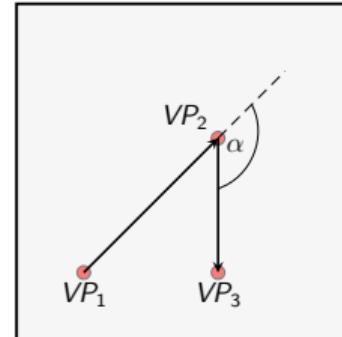
$$f_{obstacle}(f, cov, t, obj_{pix}) = \frac{1}{2 \cdot obj_{pix}} f(cov, t)$$

# Statische Parameter

Parameter	Value
$M_{res}$	0.2[m]
$M_{width}$	11[m]
$M_{height}$	11[m]
$R_{speed}$	0.2[ $\frac{m}{s}$ ]
$R_{width}$	0.6[m]
$Iter_{max}$	2000
$Init_{AC}$	50
$Init_I$	100/1000
$Pop_{min}$	100
$P_c$	0.8

# Roboter Eigenschaften

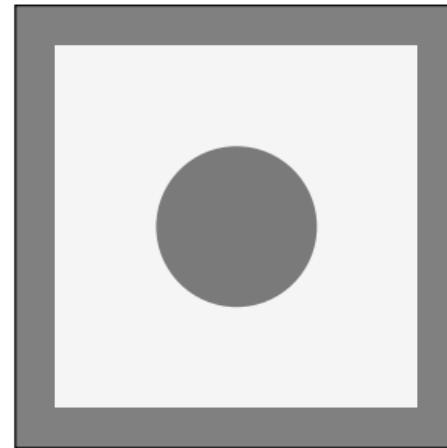
- $R_{width}$  - Größe des Reinigungstools
- $R_{speed}$  - Reinigungs Geschwindigkeit
- $R_{rot}$  - Rotations Geschwindigkeit



# Hindernis Detektion



$$M_{type} = 1$$



$$M_{type} = 2$$

- Beispielkarten
- $obj_{pix}$  - Pixel innerhalb eines Hindernisses