

Samouczący się automat sterujący postacią gracza w prostej grze zręcznościowej.

Krzysztof Nowak

18 grudnia 2011

Spis treści

1	Wstęp	1
1.1	Historia sztucznej inteligencji.	1
1.2	Sztuczna inteligencja dziś.	2
1.3	Podstawy algorytmów w grach.	2
1.4	Podstawy algorytmów genetycznych.	3
2	Analiza Wymagań	6
2.1	Opis problemu.	6
2.2	Wstępne założenia oraz diagram klas	7
2.2.1	Projekt Chromosomu	7
2.2.2	Diagram Klas	9
3	Realizacja poszczególnych elementów systemu	9
3.1	Struktura danych chromosomu	9

1 Wstęp

1.1 Historia sztucznej inteligencji.

Na początku lat 40 matematycy i inżynierowie z ośrodków badawczych zaczęli zastanawiać się nad możliwością stworzenia sztucznego mózgu. Pierwsze formalne centrum badawcze pracujące nad zagadnieniem sztucznej inteligencji zostało powołane do życia w 1956 roku w Dartmouth College, 16 lat po wynalezieniu pierwszego programowalnego komputera. Początkowo nazywane przedsięwzięciem stworzenia pierwszego “Elektronicznego mózgu” zostało poważnie potraktowane przez ówczesnych naukowców, i tworzyło dobre perspektywy dla ekonomistów i bankierów. Wielu badaczy zapowiedziało stworzenie maszyn dorównujących inteligencją ludziom w niespełna kilka dekad. Specjalnie na ten cel rząd amerykański oraz brytyjski przeznaczyły budżet rzędu milionów dolarów.

Pierwsze prace nad sztuczną inteligencją skupiały się na odwzorowaniu realnej pracy ludzkiego mózgu - sieci neuronów. Naukowcy tacy jak Norbert Wiener, Claude Shannon oraz Alan Turing opracowali pierwsze pomysły stworzenia elektronicznego mózgu. Powstało pojęcie sieci neuronowych, mocno później rozwijane m.in. przez Marviną Minskiego w jego pracach przez następne 50 lat. Pierwsze programy

skupiające się na sztucznej inteligencji w grach powstały na początku lat 50. Christopher Strachey był autorem pierwszego programu grającego w Warcaby. Pierwszy program szachowy został napisany przez Dietricha Prinza. W tym samym okresie Alan Turing opublikował pierwsze prace dotyczące możliwości utworzenia maszyny dysponującej ludzką inteligencją. Zdefiniował test pozwalający to zmierzyć, nazywany potem Testem Turinga.

W końcu po wielu latach stało się oczywiste iż symulacja nawet najprostszych mechanizmów myślowych jest niezwykle trudna w realizacji, a nawet najszybsze ówczesne komputery nie były w stanie wygrać z człowiekiem w partii szachów. Ostatecznie dziedzinie sztucznej inteligencji odebrano nieco wiarygodności, a wcześniej zapowiadane maszyny przerastające inteligencją ludzi, trafiły spowrotem na półki science-fiction. W roku 1973, znaczna część funduszy przeznaczonych na rozwój sztucznej inteligencji została wstrzymana przez amerykański i brytyjski rząd. Niemniej prace nad sztuczną inteligencją trwają do dziś, aczkolwiek są bardziej uszczegółowione w naturze problemów których dotyczą.

1.2 Sztuczna inteligencja dziś.

Oprócz realizacji zadań w dziedzinie kategoryzacji danych, oraz rozpoznawaniu mowy lub obrazu, spora część badań skupia się na realizacji systemów podejmujących decyzje w ściśle określonym środowisku gry. Pozornie służą one jedynie dostarczaniu rozrywki w szeroko popularnych grach komputerowych, szybko można się przekonać iż wiele takich projektów jest później podstawą do stworzenia bardziej praktycznych systemów. Zmieniając jedynie definicję środowiska okazuje się iż można te same strategie zastosować np. w grze na giełdzie. Pojedynek Garriego Kasparowa z programem szachowym Deep Blue przeszedł już na stałe do historii jako pierwsze starcie człowieka z maszyną w dziedzinie intelektu. Innym, dość nowym przykładem może być klaster komputerów Watson, który przez kilka tygodni konkurował z czołową graczem teleturnieju Jeopardy, popularnym w USA od 1964 roku. Obydwa projekty pokonały swoich ludzkich przeciwników, podnosząc tym samym nieco nadszarpnięty wizerunek sztucznej inteligencji.

1.3 Podstawy algorytmów w grach.

Jednym z prostszych przykładów zastosowania sztucznej inteligencji w grach komputerowych są gry logiczne. Podstawowym algorytmem stosowanym w projektowaniu sztucznej inteligencji jest algorytm minmax. Dotyczy on gier o sumie stałej – proporcja zysku jednego z graczy do straty drugiego jest stała. Najprostszym przykładem jest gra "Kółko i krzyżyk" gdzie budowane jest rekurencyjne drzewo wywołań kolejno generujące wszystkie możliwe stany gry. W dowolnym momencie gry możemy przeanalizować wszystkie możliwe posunięcia graczy. Gra może zakończyć się remisem, zwycięstwem gracza A, bądź zwycięstwem gracza B. Optymalizując decyzję gracza A, musimy kolejno sprawdzać możliwe posunięcia

na planszy. Dla każdego z nich możemy wówczas przeanalizować optymalną strategię dla gracza B (ponieważ zakładamy że do takiej będzie on dążył) i starać się znaleźć najlepszą ścieżkę która prowadzi do zwycięstwa gracza A. Zatem na początku gry podjęciu pierwszej decyzji musimy przeanalizować $9 * 8 * 7 * \dots * 1 = 9!$ ruchów. Łatwo zauważyć iż algorytm taki ma ogromną złożoność i jedynie dla małych gier takich jak kółko i krzyżyk daje wynik w realnym czasie. Bez optymalizacji, obraz brania pod uwagę symetrii planszy, daje to drzewo wywołań składające się $9!$ węzłów (łącznie z liśćmi). Oczywiście algorytm można zoptymalizować chociażby poprzez programowanie dynamiczne, lecz dla gier bardziej złożonych nie będziemy w stanie przeanalizować wszystkich możliwych sytuacji w grze w realnym czasie.

Przez lata szachy były jedną z gier niemożliwych do rozwiązania za pomocą powyższego podejścia. Nawet dziś najlepsze programy szachowe nie analizują wszystkich możliwych ruchów a jedynie kilkadziesiąt ruchów w przód. Przy zastosowaniu optymalizacji oraz bazy danych zawierającej wiele strategii szachowych, współczesne programy szachowe wygrywają z najlepszymi graczami. Nieco inna sytuacja jest w grze GO, gdzie plansza rozmiaru 19×19 stanowi nielada wyzwanie nawet dla współczesnych superkomputerów. Do dziś nie stworzono programu który wygrywałby z profesjonalnymi zawodnikami GO.

Sztuczna inteligencja w grach może dotyczyć różnych aspektów gry. W grach logicznych głównym, i jedynym problemem jest podjęcie najlepszej decyzji dla aktualnego stanu gry, prowadzącej do zwycięstwa. W grach akcji występuje nieco inny rodzaj sztucznej inteligencji, skupiający się na symulowaniu gry żywego przeciwnika. Większość obliczeń składa się wówczas nie tyle na rozwiązaniu gry, co na zbliżeniu jej do poziomu ludzkich graczy. W wielu przypadkach, szczególnie grach wymagających od gracza dobrego refleksu, możliwe jest zrealizowanie algorytmu który bez problemu wygrywałby z każdym człowiekiem. Mamy wówczas mamy do czynienia z operującymi w gre odbywającej się w czasie rzeczywistym. Niejednokrotnie w dzisiejszych grach informacje o aktualnym stanie gry są niemożliwe do przeanalizowania ze względu na ich ogrom, oraz ograniczony czas – decyzja musi zostać podjęta np. 30 razy w ciągu sekundy. Klasyczne podejście minmax zawodzi lub jest wręcz nie do zrealizowania dla większości współczesnych gier platformowych lub akcji.

1.4 Podstawy algorytmów genetycznych.

Innym rodzajem sztucznej inteligencji są algorytmy ewolucyjne. Opierają się one na prawach ewolucji odkrytych przez Charlesa Darwina, i wzorują się na faktycznych rozwiązaniach doboru naturalnego występującego w przyrodzie. Algorytm ewolucyjny opiera się na wprowadzeniu losowego czynnika do całej procedury, i tym też różni się od poprzedniego podejścia, iż jest niedeterministyczny. Chaotyczność z czasem jest zastępowana przez odpowiednio przystosowaną populację, o ile zasymulujemy jej ewolucję

dostateczną ilość razy. W większości algorytmów genetycznych można wydzielić kilka koniecznych do zaprojektowania klas bądź procedur.

1. Chromosom oraz Populacja

Pierwszym krokiem jest zdefiniowanie typu danych odpowiednich do przetrzymywania informacji o danym osobniku. Odpowiednio zaprojektowany format danych (zwany Chromosomem) pozwoli na łatwą implementację pozostałych elementów oraz zapewni generowanie optymalnych wyników. Informacja ta często jest reprezentowana przez tablicę wartości, bądź listę cech przypisanych do danej klasy. Chromosom odpowiada za informację o pojedynczym osobniku, natomiast Populacja traktowana jest jako wszystkie osobniki należące do danego zbioru w danej iteracji algorytmu. O ile w podstawowych algorytmach genetycznych Populacja jest jedynie kontenerem, dobrze jest pamiętać o ewentualnym rozbudowaniu Populacji do bardziej złożonej klasy, dzięki czemu będziemy mieli możliwość prostego porównywania, bądź zapamiętywania całych populacji.

2. Funkcja Przystosowania

Kolejnym istotnym krokiem jest zdefiniowanie funkcji przystosowania. W doborze naturalnym występującym w przyrodzie osobniki danego gatunku rośliny bądź zwierzęcia różnią się pod względem genetycznym. Można wówczas wywnioskować iż część z nich jest lepiej przystosowana do danego środowiska, co z kolei wpływa na ich szanse przeżycia w trudnych sytuacjach, licznosc potomstwa, długość życia. Ponieważ potomstwo dziedziczy geny po swoich rodzicach, “zwycięskie” cechy w kolejnym pokoleniu są bardziej powszechne. Odpowiednikiem funkcji przystosowania jest właśnie wynikowa cech danego osobnika która określa prawdopodobieństwo przekazania jego genów w kolejnym pokoleniu. Funkcja przystosowania jest dość prosta w realizacji, o ile dane dotyczące osobnika są łatwe do zmierzenia – wówczas może być to jedynie kwestia policzenia wartości funkcji liniowej z odpowiednimi wagami. Mimo to w większości algorytmów genetycznych dobranie odpowiednich wag w funkcji przystosowania jest kluczowym czynnikiem nad którym później można długo pracować przy optymalizacji algorytmu.

3. Krzyżowanie

Przy przechodzeniu każdego kroku algorytmu zazwyczaj należy wylosować z populacji pewien zbiór osobników (wpływ na to wynik funkcji przystosowania) i dokonać krzyżowania pomiędzy nimi. Krok ten jest kluczowy jeśli chcemy osiągać coraz lepsze wyniki w kolejnych populacjach, ponieważ od dobrej metody krzyżowania zależy czy kolejne osobniki będą lepiej przystosowane do rozwiązania problemu. Złe zaprojektowanie krzyżowania jest jednym z częstszych powodów osiągnięcia przez populację złych wyników, zwłaszcza gdy Chromosom jest złożony. Oprócz tego samo krzyżowanie

również zazwyczaj posiada czynnik losowy (w klasycznych przykładach dotyczących krzyżowania się dwóch ciągów bitowych, losowany jest punkt łączenia się dwóch ciągów).

4. Mutacja

O ile początkowa losowość algorytmu polegająca na wylosowaniu pierwszej populacji jest szybko zastępowana przez populację osiągającą lepsze wyniki, warto w trakcie całego procesu próbować modyfikować kilka osobników, nawet jeśli mogłoby to spowodować chwilowe pogorszenie populacji. W innym przypadku zbyt uporządkowana procedura selekcji i krzyżowania osobników spowoduje stagnację populacji. Często można to zauważyć gdy po kilku iteracjach większość, bądź cała populacja jest identyczna. Najczęstszą realizacją mutacji jest zmiana jakiegoś parametru osobnika, bądź zamiana go na losową wartość. Ponieważ w dużej mierze zależy to od budowy Chromosomu, nie ma uniwersalnej metody na zaimplementowanie mutacji. Najczęściej mutacja występuje z niskim prawdopodobieństwem:

$$p_m < 0.1$$

5. Metoda Selekcji

Sama metoda wyboru populacji rodzicielskiej również ma znaczenie, o ile jednak jest ona oparta na wartości funkcji przystosowania, to już sama metoda wyboru ma mniej krytyczne znaczenie. Najbardziej popularne metody selekcji to:

(a) Metoda koła ruletki.

Sama nazwa bierze się od gry w ruletkę, w której pole powierzchni każdego wycinka koła jest proporcjonalne do prawdopodobieństwa wylosowania danej liczby. Oczywiście w klasycznej ruletce pola wycinków koła są równe, zatem szansa wylosowania każdej liczby jest taka sama. W samym algorytmie wirtualne “wycinki koła” nie muszą oczywiście być równe. Osobnik który lepiej wypada w funkcji przystosowania otrzymuje większe pole niż osobniki słabsze. Następnie losowana jest pewna wartość która jednoznacznie określa który osobnik został wylosowany. Praktycznie realizowane jest to w następujący sposób:

$$p(k) = \frac{f(k)}{\sum_{i=0} f(i)}$$

gdzie $p(k)$ oznacza prawdopodobieństwo wylosowania k-tego osobnika z populacji, a $f(i)$ wartość funkcji przystosowania i-tego osobnika

(b) Metoda rankingowa.

W tej metodzie sortujemy osobniki malejąco względem funkcji przystosowania i wybieramy populację rodziców jako m pierwszych osobników. Ma to pewną wadę, gdyż powoduje po pewnym czasie stagnację (brak czynnika losowego). Innym wariantem jest selekcja turniejowa w której najpierw dzielimy grupę na G podgrup spośród których wybieramy najlepsze osobniki do populacji rodzicielskiej. Otrzymujemy w ten sposób G rodziców, wśród których niekoniecznie są najlepsze osobniki globalnie (nawet z bardzo silnej grupy przechodzi tylko jeden osobnik). Daje nam to już pewną losowość w wyborze populacji rodzicielskiej.

(c) Połączenie kilku metod.

Dodatkowym elementem może być połączenie kilku metod selekcji celem otrzymania najbardziej optymalnej selekcji dla danego problemu genetycznego. W zasadzie bardziej złożone problemy ewolucyjne wręcz wymagają własnej inwencji do zaprojektowania dobrego systemu.

Po odpowiednim zaprojektowaniu algorytmu można przystąpić do implementacji, warto jednak pamiętać o przygotowaniu dobrego modułu konfiguracyjnego dla ustawiania poszczególnych elementów, bądź wag w funkcji przystosowania. Dużą częścią dobrego systemu genetycznego jest odpowiednia możliwość konfiguracji danych odpowiadających za każdy z kroków. Mamy dzięki temu możliwość przetestowania różnych podejść do danego problemu bez uciążliwych zmian w kodzie. Oprócz tego cały proces można zautomatyzować, dzięki czemu możemy w prosty sposób przetestować algorytm dla różnych danych konfiguracyjnych.

2 Analiza Wymagań

2.1 Opis problemu.

Tematem pracy jest zaprojektowanie i implementacja systemu podejmującego decyzje w prostej grze platformowej czasu rzeczywistego. Celem gry jest przejście dwuwymiarowej mapy. Wynik końcowy może zależeć od wielu parametrów - mapa może zawierać elementy dające punkty, jak i elementy prowadzące do natychmiastowego zakończenia gry (z wynikiem pozytywnym bądź negatywnym). Samo określenie jakości przejścia można traktować jako funkcję od czasu przejścia gry, ilości zebranych punktów oraz wyniku końcowego. Efektem pracy powinien być system pozwalający na rozwiązanie tego typu problemu bazujący na algorytmie genetycznym.

Ogólne wymogi dotyczące systemu:

- System powinien składać się z bazowego silnika gry, wzorowanego na rozwiązaniach w klasycznych grach platformowych. System powinien pozwalać zarówno na poruszanie się po mapie przez gracza, jak i przejście w tryb treningu populacji, który na podstawie zadanych parametrów symuluje

ruchy gracza. Początkowo są to losowe ruchy, które z czasem są optymalizowane przez algorytm genetyczny.

- Do wyniku końcowego mogą być brane pod uwagę również inne zdarzenia takie jak ilość zebranych obiektów na planszy, bądź pokonani przeciwnicy. Funkcja przystosowania będzie od różnych czynników, a ustawienie odpowiednich wag może nakierować algorytm na określoną ścieżkę rozwoju.
- Dodatkowo, moduł pozwalający na łatwą wizualizację postępów posłuży jako dobra warstwa prezentacyjna postępu algorytmu w czasie.

Sam pomysł stworzenia sztucznej inteligencji do gry platformowej w czasie rzeczywistym został już wcześniej wielokrotnie powoływany do życia, m.in. jako projekt MarioAI, który w chwili obecnej funkcjonuje jako turniej dla programistów. Uczestnicy mogą implementować własne rozwiązania i porównywać wyniki z innymi uczestnikami. Samo zgłoszenie składa się z implementacji własnej klasy odpowiedzialnej za podejmowanie decyzji. Strona domowa projektu znajduje się pod adresem www.marioai.org.

2.2 Wstępne założenia oraz diagram klas

Aby dobrze zrealizować część odpowiedzialną za sterowanie postacią, należy użyć klasy pośredniej pomiędzy warstwą logiki silnika gry, a warstwą komunikacji z graczem. Wówczas możemy łatwo zmienić źródło sygnałów wysyłanych do postaci z bezpośrednich zdarzeń z klawiatury na akcje przechowywane przez chromosom.

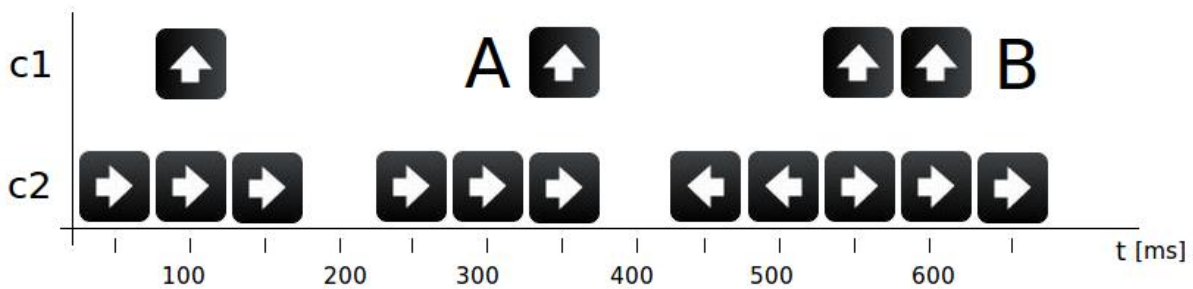
2.2.1 Projekt Chromosomu

Kolejnym ważnym elementem jest odpowiednie zaprojektowanie chromosomu. Dwa najbardziej trafne rozwiązania opierają się na dwóch zmiennych występujących w środowisku gry:

1. Czas który upłynął od rozpoczęcia danej instancji przejścia.

To rozwiązanie zakłada podejmowanie akcji w oparciu o aktualny czas w grze, a sama tablica akcji przechowuje akcje których wykonanie następowałoby po kolei z pewnym interwałem, np. 30 ms (co daje ok 33 akcje w ciągu sekundy). Warto zauważyć że dzięki temu iż przebieg symulacji nie zależy od pozycji gracza, mamy swobodę ruchu, a jeśli to korzystne możemy założyć iż dobrym rozwiązaniem w niektórych przypadkach będzie np. odczekanie określonego czasu, bądź powrót do miejsca w którym już byliśmy. Istotną wadą tego rozwiązania była duża podatność algorytmu na zapętlanie się, lub wykonywanie dużej ilości mało przydatnych ruchów. Jeśli chcielibyśmy dobrze zaprojektować taki algorytm musielibyśmy brać pod uwagę fakt, iż średnio przy równym prawdopodobieństwie ruchu w lewo jak i prawo, postać będzie przesuwana się bardzo powoli, bądź na dłuższą

metę stała w miejscu. Prostym rozwiązaniem tego problemu jest przyporządkowanie pewnego prawdopodobieństwa każdej akcji (dzięki czemu możemy założyć że preferowanym kierunkiem jest np. ruch postaci w prawo). Pewnym utrudnieniem może być krzyżowanie tego typu chromosomów. Ponieważ akcje postaci w większości przypadków mają sens w kontekście jej aktualnego położenia, o tyle klasyczne krzyżowanie poprzez "cięcia" chromosomu na dwie części jest kosztowne. Po sklejeniu otrzymamy wówczas niespójny ciąg ruchów, które będą miały niewiele wspólnego z aktualną pozycją gracza na mapie. Można temu zapobiec zapewniając łączenie się chromosomów jedynie w punktach w których postać w obu momentach znajduje się w tym samym lub zbliżonym miejscu. Wyznaczenie takich punktów może okazać się kosztowne. Przeszukiwanie punktów wspólnych można zrealizować w czasie $O(n * \log_2 n)$ najpierw sortując tablice obu osobników odpowiadające za ruch w chromosomie. Tablice sortujemy względem współrzędnej X aktualnego położenia gracza dla każdej z akcji, a następnie liniowo przechodząc po obu tablicach osobników, szukając punktów wspólnych. Wówczas widać iż trzeba przechowywać dane na temat położenia w chromosomie, co jest nieco niespójne z ideą poruszania się względem czasu. Wstępny schemat takiego rozwiązania mógłby wówczas wyglądać tak jak na rysunku 1.



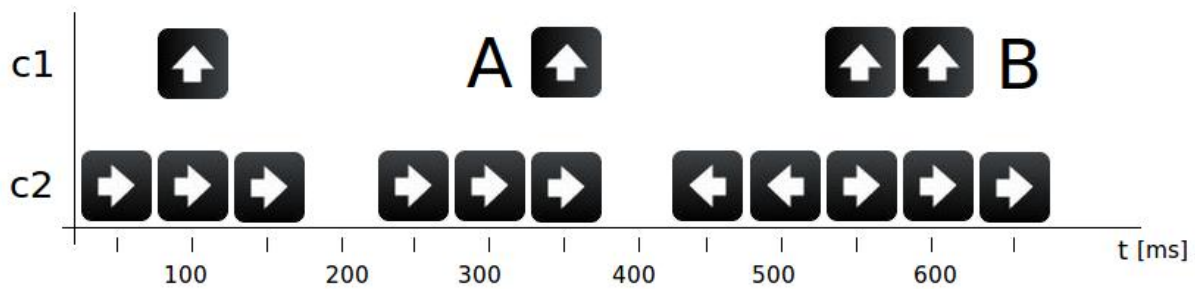
Rysunek 1: Sterowanie względem czasu.

Tablice c1, c2 oznaczają odpowiednio tablicę odpowiadającą za ruchy specjalne (np. skok), oraz tablicę odpowiadającą jedynie za ruch.

Lepszym rozwiązaniem jest realizacja krzyżowania nie poprzez klasyczne podejście, lecz modelowane statystycznie: Potomstwo nie otrzymuje bezpośrednich fragmentów chromosomu, lecz losuje za każdym razem nowe ruchy. Przy czym chromosomy populacji rodzicielskiej zwiększają prawdopodobieństwo wylosowania podobnych sobie ruchów. Schemat takiego rozwiązania zaprezentowany jest na rysunku 2. Więcej szczegółów na ten temat zostanie opisanych w dalszej części pracy.

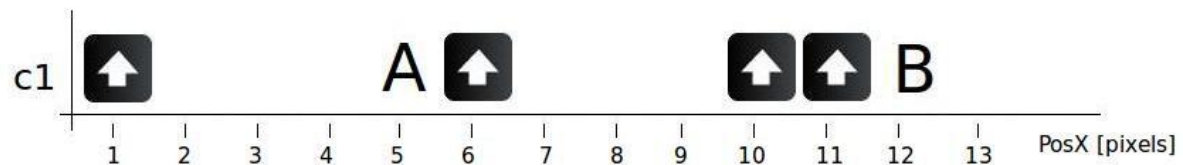
2. Aktualna pozycja gracza.

O ile poprzednie rozwiązanie dawało większą swobodę ruchu po mapie, to było jednak mało optymalne pod względem osiągnięcia szybko dobrych wyników. Jeśli założymy iż akcje przechowywane



Rysunek 2: Krzyżowanie statystyczne.

w chromosomie mają być aktywowane w momencie osiągnięcia przez gracza danej pozycji na osi X mapy, wówczas uprościmy cały mechanizm krzyżowania (już nie musimy szukać punktów wspólnych, gdyż dwa dowolne indeksy w obu tablicach i, j gwarantują nam takie samo położenie gracza na mapie gdy $i = j$. Oprócz tego przy założeniu że planszę da się rozwiązać poruszając się tylko w prawo upraszcza to większość operacji w algorytmie. Innym udogodnieniem będzie uproszczenie samego typu przechowywanych danych. Ponieważ rezygnujemy z postojów i ruchu w lewo, równie dobrze możemy zrezygnować z tablicy przechowującej te informacje.



Rysunek 3: Sterowanie względem pozycji gracza.

To podejście posiada jednak kilka poważnych wad i wymaga pewnych ograniczających założeń. Plansza musi być ukierunkowana, i być rozwiązywalną przy ciągłym ruchu w określonym kierunku. Przeniesienie systemu do zastosowania w grze platformowej o nieco innym schemacie ruchu może okazać się trudne i wymagające zmian w założeniach początkowych.

2.2.2 Diagram Klas

Diagram klas projektu przedstawiony został na rysunku 4.

3 Realizacja poszczególnych elementów systemu

3.1 Struktura danych chromosomu

Jeśli chodzi o typ struktury danych przyjęto pierwszy schemat (rys.1), wraz z krzyżowaniem statystycz-

Oprócz tego każdy Chromosom uzupełnia interfejs Comparable, dzięki obiekty mogą być porównywane ze sobą. Porównanie składa się jedynie z porównania wyniku wartości funkcji przystosowania. Dzięki temu możemy łatwo posortować całe populacje. Obiekt ten przechowuje dane na temat wyniku danego chromosomu i danych pomocniczych, które są uzupełniane po przetestowaniu chromosomu. Oprócz tego chromosom posiada metody pozwalające na mutację zarówno tablicy ruchu jak i tablicy akcji specjalnych.