

GERAÇÃO DE ESTADOS INICIAIS PARA ATOMIX COM BUSCA HEURÍSTICA

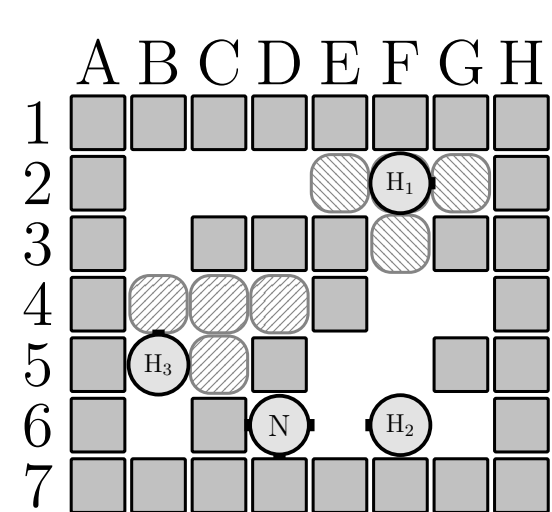
Mateus Davi Simon

Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brazil

Abstract

O objetivo deste estudo é a geração de estados iniciais para Atomix. Atomix é um *puzzle* cujo objetivo é a formação de uma molécula a partir de seus átomos. *Pattern Databases* (PDBs) armazenam a solução de versões abstratas de um problema de espaço de estados. *Novelty* é uma medida estrutural do quão novo um estado é num espaço de busca. Utilizamos busca reversa com *Greedy best-first search* (GBFS) com *novelty* e PDBs para guiar a busca e selecionar estados. Com este método obtivemos estados iniciais mais difíceis que os originais, além disso o uso de *novelty* melhorou os resultados em relação ao uso de apenas PDBs.

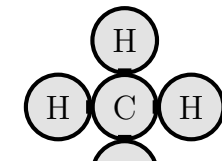
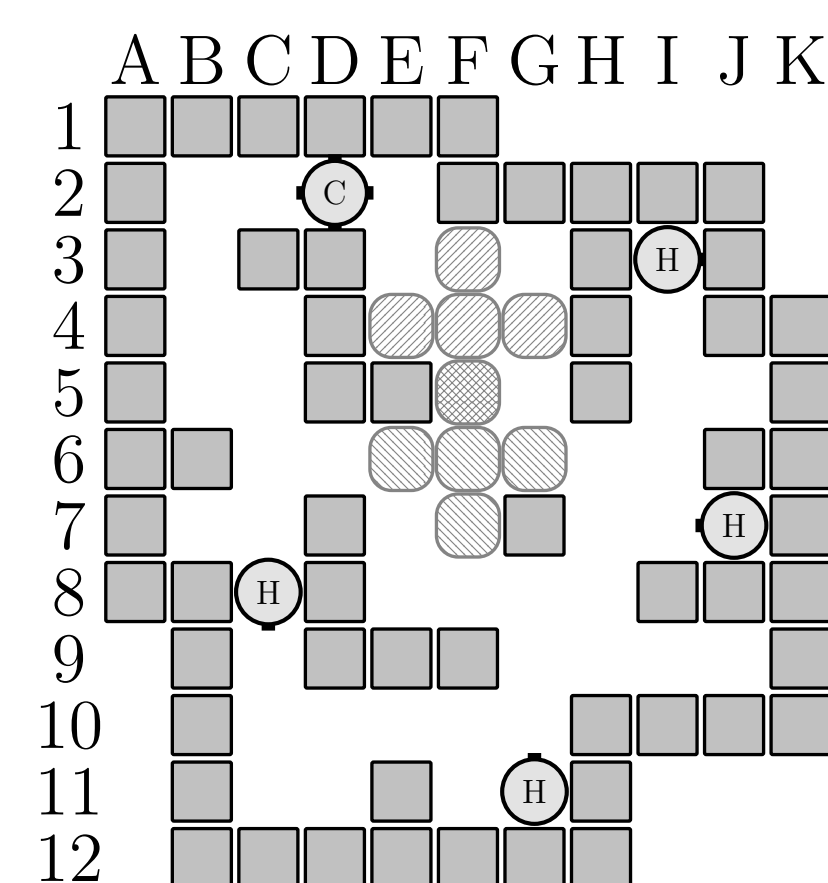
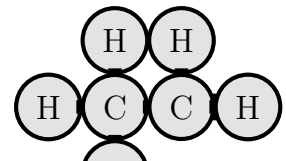
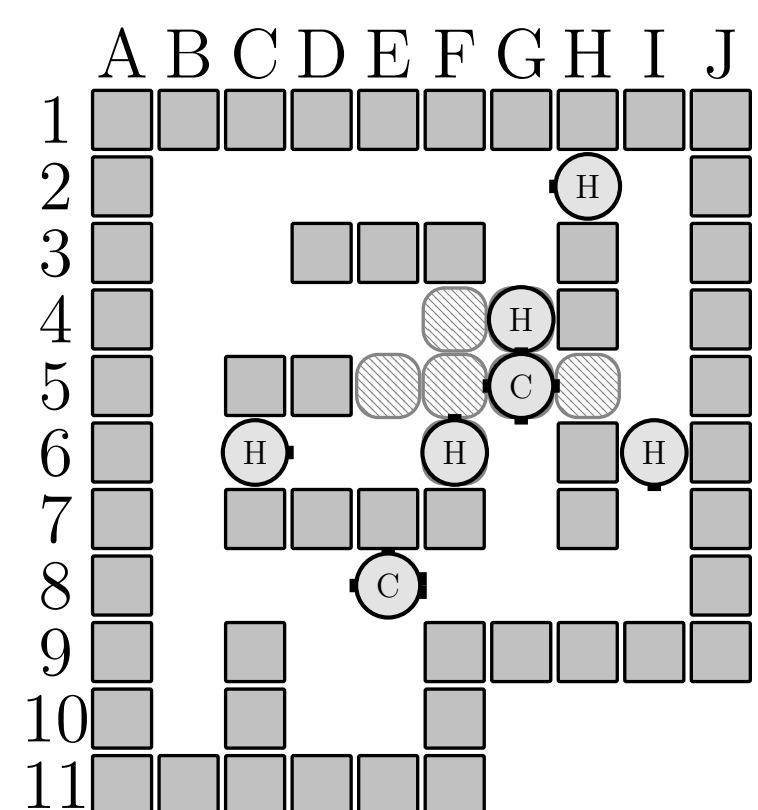
Atomix



Uma instância de Atomix.

- **Movimento:** Com qualquer átomo pode ser feito um movimento de *slide*, em que ele se move até encontrar um obstáculo
- **Solução:** Sequência de movimentos que levam a formação de uma molécula predefinida no problema.
- **Objetivo:** Criação de estados iniciais que maximizam o número de movimentos mínimo para encontrar a solução.
- **Estado:** Conjunto de tuplas (p_i, l_i) .

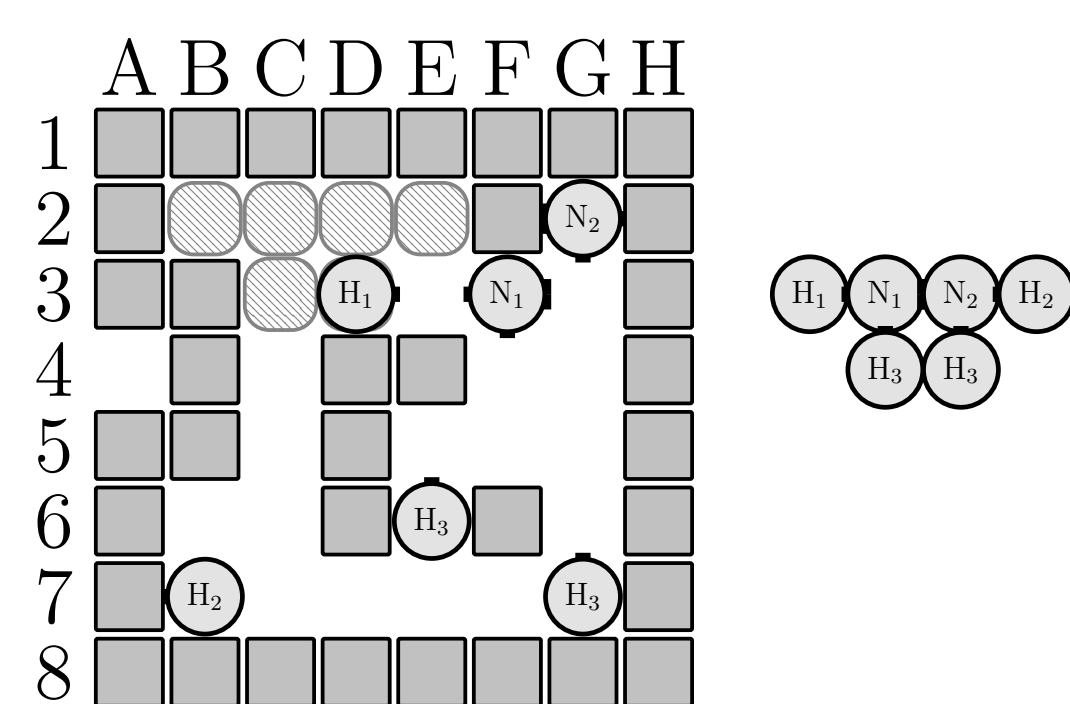
Instâncias de Atomix:



Heurísticas

Generalized Moves

Generalized Moves são movimentos relaxados em Atomix que permitem um átomo parar em qualquer posição livre em uma dada direção. No problema original átomos apenas podem parar em posições adjacentes a um obstáculo (átomo ou parede). O comprimento da solução usando esses movimentos relaxados é uma heurística admissível para Atomix. Denotamos h^{GM} como a heurística que retorna o valor do comprimento da solução para o problema relaxado.



Pattern Databases

Em Atomix, *Pattern Databases* (h^{PDB}) dividem um estado em partições de tamanho k (h^{PDBk}). Para cada partição resolve-se o problema usando movimentos generalizados, mas levando-se em consideração a colisão entre átomos. A soma das soluções de cada partição produz uma heurística admissível (h^{PDBk}), em geral melhor do que apenas h^{GM} . Em Atomix é possível computar *pattern databases* com partições de até três átomos $k = 3$.

Conflitos

Conflito é uma medida da interação entre átomos, quando, por exemplo, um átomo está no caminho ótimo de outro átomo e precisa ser movido. Para estimar o número de conflitos é possível usar (PDBs) de tamanhos diferentes, subtraindo o valor do h^{PDBk} com h^{PDBk-1} para $k > 1$. Por exemplo, o número de conflitos entre dois átomos, denotado por $2C$, pode ser estimado com $2C = h^{PDB2} - h^{PDB1}$.

Novelty

Em um estado s com m variáveis, se n for o menor valor tal que exista n destas variáveis que nunca apareceram antes no conjunto de estados expandidos, então diz-se que o estado s tem *novelty* n . Durante a busca, expandimos estados com menor valor de *novelty*, para melhor explorar o espaço de estados. Também pode-se incorporar ao *novelty* o valor de alguma heurística h , denotamos isto por $w(h)$.

Método Proposto

Para obter um estado inicial nós propomos uma busca reversa à partir dos estados objetivo da instância. Utilizamos o algoritmo de busca *Greedy best-first search* (GBFS) que escolhe o próximo estado a ser expandido baseado em alguma métrica passada a ele. Como métricas para guiar o GBFS utilizamos h^{GM} , h^{PDB} , *novelty* e conflitos. Durante a busca selecionamos o estado que maximiza uma combinação dos valores de $h^{GM/PDB}$ e conflitos. Dentre as combinações possíveis destes parâmetros, nós testamos:

- Apenas h^{PDB} na busca e na seleção.
- *Novelty* e h^{PDB} (nesta ordem de prioridade) na busca e h^{PDB} na seleção.
- *Novelty*, conflitos e h^{PDB} na busca e conflitos e h^{PDB} na seleção.
- A mesma que acima mas com as prioridades dos conflitos e h^{PDB} invertidos.

Resultados

Para comparação dos resultados utilizamos o solve estado da arte atual para Atomix [1], que utiliza h^{PDB} e *Partial-expansion A** (PEA) como algoritmo de busca.

Método	Expandidos	h^{GM}	h^{PDB3}	$2C$	$3C$	A^*-h^{GM}	A^*-h^{PDB3}	f^*
$[h^{PDB1}]$	10915672	33.50	34.67	1.10	0.08	54	56	38.27
$[h^{PDB3}]$	10576527	33.37	34.86	1.16	0.33	55	58	38.64
$[w(h^{PDB1}), h^{PDB1}]$	9277360	36.14	37.48	1.28	1.34	54	55	41.11
$[w(h^{PDB3}), h^{PDB3}]$	9046320	36.01	37.62	1.15	1.61	52	55	41.55
$[w(h^{PDB3}), 3C, h^{PDB3}]$	7510201	19.17	21.97	1.16	1.64	68	72	26.93
$[w(h^{PDB2}), h^{PDB2}, 2C]$	8768389	35.59	37.54	1.64	0.31	54	55	41.15
$[w(h^{PDB3}), h^{PDB3}, 3C]$	8491890	35.17	37.20	1.58	0.45	51	57	41.06
Original	-	23.92	24.25	0.18	0.15	61	65	29.74

- **Expandidos:** Número de nodos expandidos por GBFS.
- $h^{GM, PDB3}$: Valor- h médio dos estados iniciais gerados.
- **2, 3C** Número médio de conflitos dos estados iniciais gerados.
- $A^*-h^{GM, PDB3}$: Número de instâncias resolvidas.
- f^* : Menor valor de f na lista aberta (limite inferior do comprimento da solução).

Referências

[1] A. Gliesch and M. Ritt. Solving atomix with pattern databases. In *Intelligent Systems (BRACIS), 2016 5th Brazilian Conference on*, pages 61–66. IEEE, 2016.

VOZES DIVERSAS

DIFERENTES SABERES



SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXX SIC

15 A 19
OUTUBRO
CAMPUS DO VALE

