

Evolutionäre Algorithmen

Evolutionstrategien, Verhaltenssimulation

Prof. Dr. Rudolf Kruse **Pascal Held**

`{kruse,pheld}@iws.cs.uni-magdeburg.de`

Otto-von-Guericke-Universität Magdeburg

Fakultät für Informatik

Institut für Wissens- und Sprachverarbeitung

Übersicht

1. Evolutionsstrategien

Selektion

Varianz Anpassung

Kovarianz und Korrelation

Crossover/Rekombination

Plus- versus Komma-Strategien

2. Evolutionäre Algorithmen zur Verhaltenssimulation

Evolutionstrategien (ES)

- Beschränkung auf **numerische Optimierung**

gegeben: Funktion $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$

gesucht: Minimum oder Maximum von f

Chromosomen: **Vektoren reeller Zahlen**

Mutation: Addition eines normalverteilten **Zufallsvektors r**
jedes Element $r_i \in r$ ist Realisierung einer normalverteilten
Zufallsvariable mit

- Erwartungswert 0 (unabhängig vom Elementindex i) und
 - Varianz σ_i^2 bzw. Standardabweichung σ_i
 - σ_i^2 abhängig/unabhängig vom Elementindex i und Generation t
- **Crossover:** hierauf wird meistens verzichtet.

Selektion

Strenges Eliteprinzip:

- nur besten Individuen kommen in nächste Generation
- Bezeichnungen:
 - μ – Anzahl der Individuen in der Elterngeneration
 - λ – Anzahl der (durch Mutation) erzeugten Nachkommen

Zwei prinzipielle Selektionsstrategien:

- **+ -Strategie** (Plus-Strategie, $(\mu + \lambda)$ -Strategie)
aus den $(\mu + \lambda)$ Individuen der Elterngeneration und der erzeugten Nachkommen werden die besten μ Chromosomen ausgewählt
(hier gilt meist $\lambda < \mu$)
- **, -Strategie** (Komma-Strategie, (μ, λ) -Strategie)
erzeugt $\lambda > \mu$ Nachkommen, aus denen die besten μ Chromosomen ausgewählt werden
(Chromosomen der Elterngeneration gehen verloren)

Selektion

Beispiel: Spezialfall der (1+1)-Strategie

„Anfangspopulation“: \mathbf{x}_0 (zufällig erzeugter Vektor reeller Zahlen)

Erzeugen der nächsten Generation:

1. erzeuge reellen Zufallsvektor \mathbf{r}_t und berechne $\mathbf{x}_t^* = \mathbf{x}_t + \mathbf{r}_t$
2. setze dann

$$\mathbf{x}_{t+1} = \begin{cases} \mathbf{x}_t^*, & \text{falls } f(\mathbf{x}_t^*) \geq f(\mathbf{x}), \\ \mathbf{x}_t, & \text{sonst.} \end{cases}$$

Erzeuge weitere Generationen bis Abbruchkriterium erfüllt ist

- entspricht dem **Zufallsaufstieg**

⇒ allgemeine +-Strategie = paralleler Zufallsaufstieg, der gleichzeitig an mehreren Orten von Ω durchgeführt wird (wobei stets die erfolversprechendsten μ Wege verfolgt werden)

Evolutionsstrategien

Optimiert werden nicht nur Organismen, sondern Mechanismen der Evolution: Vermehrungs- und Sterberaten, Lebensdauern, Anfälligkeit gegenüber Mutationen, Mutationsschrittweiten, Evolutionsgeschwindigkeit etc.

Varianzanpassung des Zufallsvektors (Mutationsschrittweite)

- geringe Varianz \Rightarrow kleine Änderungen der Chromosomen \Rightarrow lokale Suche (Ausbeutung)
- hohe Varianz \Rightarrow große Änderungen der Chromosomen \Rightarrow globale Suche (Durchforstung)

Weitere Möglichkeiten, Parameter anzupassen:

- Wahl der Zahl der zu ändernden Gene (Vektorelemente)
- Wahl der Zahl λ der zu erzeugenden Nachkommen

Globale Varianzadaptation

Chromosomenunabhängige Varianz

- Wähle σ , sodass mittlere Konvergenzrate möglichst hoch
Ansatz von [Rechenberg, 1973]: bestimme optimales σ für
 - $f_1(x_1, \dots, x_n) = a + bx_1$ und
 - $f_2(x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n x_i^2$,indem Wahrscheinlichkeiten für erfolgreiche (d.h. verbessernde) Mutation bestimmt werden
- Ergebnisse bei dieser empirischen Untersuchung
 - für f_1 : $p_1 \approx 0.184$ und
 - für f_2 : $p_2 \approx 0.270$

$\frac{1}{5}$ -Erfolgsregel

- heuristisch abgeleitet
- mit +-Strategie ist Mutationsschrittweite richtig, wenn etwa $\frac{1}{5}$ der Nachkommen besser sind als die Eltern

Globale Varianz Anpassung

Anpassung der Varianz σ^2 auf Grundlage der $\frac{1}{5}$ -Erfolgsregel:

- sind mehr als $\frac{1}{5}$ der Nachkommen besser als die Eltern, vergrößere Varianz/Standardabweichung:

$$\sigma' = \sigma \cdot \alpha, \quad \alpha > 1$$

- sind weniger als $\frac{1}{5}$ der Nachkommen besser als Eltern, verkleinere Varianz/Standardabweichung:

$$\sigma' = \sigma / \alpha$$

- bei größeren Populationen ist $\frac{1}{5}$ -Erfolgsregel z.T. zu optimistisch
- analog zum **simulierten Ausglühen**: definiere Funktion, mit der Varianz proportional zu t sinkt

Globale Varianz Anpassung

Algorithm 1 ADAPTIVE-ANPASSUNG

Input: Standardabweichung σ , Erfolgsrate p_s , Schwellwert $\theta = \frac{1}{5}$, Modifikationsfaktor $\alpha > 1$

Output: angepasste Standardabweichung σ

```
1: if  $p_s > \theta$  {  
2:   return  $\alpha \cdot \sigma$   
3: }  
4: if  $p_s < \theta$  {  
5:   return  $\sigma/\alpha$   
6: }  
7: return  $\sigma$ 
```

Algorithm 2 ES-Adaptiv

Input: Zielfunktion F , Populationsgröße μ , Anzahl der Kinder λ , Modifikationshäufigkeit k

```
1:  $t \leftarrow 0$ 
2:  $\sigma \leftarrow$  Wert für Anfangsschrittweite
3:  $s \leftarrow 0$ 
4:  $P(t) \leftarrow$  erzeuge Population mit  $\mu$  Individuen
5: bewerte  $P(t)$  durch  $F$ 
6: while Terminierungsbedingung nicht erfüllt {
7:    $P' \leftarrow \emptyset$  /* für Plus-Selektion  $P' \leftarrow P(t)$  */
8:   for  $i = 1, \dots, \lambda$  {
9:      $A \leftarrow$  selektiere Elternteil uniform zufällig aus  $P(t)$ 
10:     $B \leftarrow$  GAUSS-MUTATION( $A$ ) mit  $\sigma$ 
11:    bewerte  $B$  durch  $F$ 
12:    if  $B.F > A.F$  {
13:       $s \leftarrow s + 1$ 
14:    }
15:     $P' \leftarrow P' \cup \{B\}$ 
16:  }
17:   $t \leftarrow t + 1$ 
18:   $P(t) \leftarrow$  Selektion aus  $P'$  durch BESTEN-SELEKTION
19:  if  $\text{mod}(t, k) = 0$  {
20:     $\sigma \leftarrow$  ADAPTIVE-ANPASSUNG( $\sigma, \frac{s}{k \cdot \lambda}$ )
21:     $s \leftarrow 0$ 
22:  }
23: }
24: return bestes Individuum aus  $P(t)$ 
```

Lokale Varianz Anpassung

Chromosomenspezifische Varianz

Varianz/Standardabweichung wird in Chromosomen als Zusatzinformation aufgenommen:

- eine Varianz für alle Vektorelemente oder
- eine individuelle Varianz für jedes Vektorelement (doppelte Vektorlänge)

Beachte: zusätzlichen Vektorelemente für Varianz(en) haben *keinen direkten Einfluss* auf Fitness eines Chromosoms

Erwartung: Chromosomen mit „schlechten“ Varianzen, d.h.

- zu klein: Chromosomen entwickeln sich nicht schnell genug weiter oder
- zu groß: Chromosomen entfernen sich zu weit von ihren Eltern, erzeugen vergleichsweise mehr „schlechte“ Nachkommen
ihre Gene (und damit auch ihre Varianzen) sterben leichter aus

Lokale Varianz Anpassung

elementspezifische Mutationsschrittweiten
(Standardabweichungen) werden nach folgendem Schema mutiert:

$$\sigma'_i = \sigma_i \cdot \exp(r_1 \cdot N(0, 1) + r_2 \cdot N_i(0, 1)).$$

$N(0, 1)$: 1x je Chromosom zu bestimmende normalv. Zufallszahl

$N_i(0, 1)$: für jedes Gen zu bestimmende normalverteilte Zufallszahl
empfohlene Werte für r_1, r_2 [Bäck and Schwefel, 1993]

$$r_1 = \frac{1}{\sqrt{2n}}, \quad r_2 = \frac{1}{\sqrt{2\sqrt{n}}}$$

wobei n Anzahl der Vektorelemente ist, oder [Nissen, 1997]

$$r_1 = 0.1, \quad r_2 = 0.2$$

oft: untere Schranke für Mutationsschrittweiten

Algorithm 3 ES-Selbstadaptiv

Input: Zielfunktion F , Populationsgröße μ , Anzahl der Kinder λ

```
1:  $t \leftarrow 0$ 
2:  $P(t) \leftarrow$  erzeuge Population mit  $\mu$  Individuen
3: bewerte  $P(t)$  durch  $F$ 
4: while Terminierungsbedingung nicht erfüllt {
5:    $P' \leftarrow \emptyset$                                 /* für Plus-Selektion  $P' \leftarrow P(t)$  */
6:   for  $i = 1, \dots, \lambda$  {
7:      $A \leftarrow$  selektiere Elternteil uniform zufällig aus  $P(t)$ 
8:      $B \leftarrow$  SELBSTADAPTIVE-GAUSS-MUTATION( $A$ )
9:      $P' \leftarrow P' \cup \{B\}$ 
10:  }
11:  bewerte  $P'$  durch  $F$ 
12:   $t \leftarrow t + 1$ 
13:   $P(t) \leftarrow$  Selektion aus  $P'$  durch BESTEN-SELEKTION
14: }
15: return bestes Individuum aus  $P(t)$ 
```

Erweiterungen der lokalen Varianz Anpassung

- Standardform der lokalen Varianz Anpassung: Varianzen der verschiedenen Vektorelemente sind unabhängig voneinander (formal: Kovarianzmatrix ist Diagonalmatrix)
- für Variationen eines Chromosoms bevorzugt in bestimmten Richtungen: mittels Einzelvarianzen nur genau dann, wenn achsenparallele Richtungen

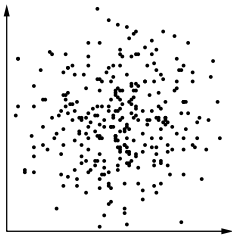
Beispiel: erzeuge Variationen von Chromosomen mit zwei Genen bevorzugt in Richtung der Hauptdiagonale, d.h. in Richtung (1, 1) mit Einzelvarianzen nicht beschreibbar

Lösung: benutze Kovarianzmatrix mit hoher Kovarianz, z.B.

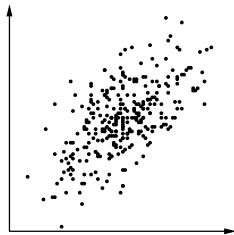
$$\Sigma = \begin{pmatrix} 1 & 0.9 \\ 0.9 & 1 \end{pmatrix}$$

Kovarianz und Korrelation

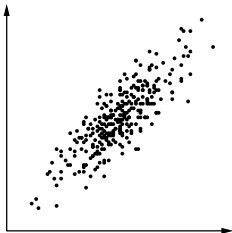
keine
Korrelation



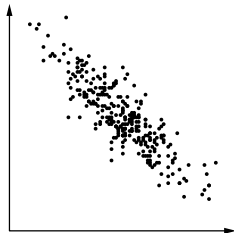
schwache
positive
Korrelation



starke
positive
Korrelation



starke
negative
Korrelation



Cholesky-Zerlegung

S symmetrisch positiv definite Matrix (d.h. Kovarianzmatrix)

- symmetrisch: $\forall 1 \leq i, j \leq m : s_{ij} = s_{ji}$
- positiv definit: für alle m -dim. Vektoren $\mathbf{v} \neq \mathbf{0}$ gilt $\mathbf{v}^T \mathbf{S} \mathbf{v} > 0$

Cholesky-Zerlegung: Berechnung der „Quadratwurzel“ von **S**

Berechne linke/untere Dreiecksmatrix **L**, sodass $\mathbf{L} \mathbf{L}^T = \mathbf{S}$
(\mathbf{L}^T ist Transponierte der Matrix **L**)

$$l_{ii} = \left(s_{ii} - \sum_{k=1}^{i-1} l_{ik}^2 \right)^{\frac{1}{2}}$$

$$l_{ji} = \frac{1}{l_{ii}} \left(s_{ij} - \sum_{k=1}^{i-1} l_{ik} l_{jk} \right), \quad j = i + 1, i + 2, \dots, m$$

Cholesky-Zerlegung

Spezialfall: Zwei Dimensionen

Kovarianzmatrix

$$\Sigma = \begin{pmatrix} \sigma_x^2 & \sigma_{xy} \\ \sigma_{xy} & \sigma_y^2 \end{pmatrix}$$

Cholesky-Zerlegung

$$\mathbf{L} = \begin{pmatrix} \sigma_x & 0 \\ \frac{\sigma_{xy}}{\sigma_x} & \frac{1}{\sigma_x} \sqrt{\sigma_x^2 \sigma_y^2 - \sigma_{xy}^2} \end{pmatrix}$$

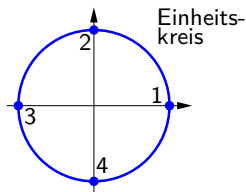
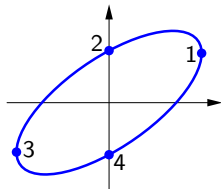


Abbildung mit \mathbf{L}



Eigenwertzerlegung

liefert ebenfalls **Analogon der Standardabweichung**

rechenaufwendiger als Cholesky-Zerlegung

S symmetrisch positiv definite Matrix (d.h. Kovarianzmatrix)

$$\mathbf{S} = \mathbf{R} \operatorname{diag}(\lambda_1, \dots, \lambda_m) \mathbf{R}^{-1},$$

wobei λ_j , $j = 1, \dots, m$, Eigenwerte von **S** und Spalten von **R** (normierten) Eigenvektoren von **S** sind

- Eigenwerte λ_j , $j = 1, \dots, m$, von **S** sind alle positiv und Eigenvektoren von **S** sind orthonormal ($\Rightarrow \mathbf{R}^{-1} = \mathbf{R}^T$)

S = **TT**^T mit

$$\mathbf{T} = \mathbf{R} \operatorname{diag}(\sqrt{\lambda_1}, \dots, \sqrt{\lambda_m})$$

Eigenwertzerlegung

Spezialfall: Zwei Dimensionen

Kovarianzmatrix

$$\Sigma = \begin{pmatrix} \sigma_x^2 & \sigma_{xy} \\ \sigma_{xy} & \sigma_y^2 \end{pmatrix}$$

Eigenwertzerlegung (sei $s = \sin \phi$, $c = \cos \phi$, $\phi = \frac{1}{2} \arctan \frac{\sigma_{xy}}{\sigma_y^2 - \sigma_x^2}$)

$$\mathbf{T} = \begin{pmatrix} c & s \\ -s & c \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \sigma_1 & 0 \\ 0 & \sigma_2 \end{pmatrix}, \quad \begin{aligned} \sigma_1 &= \sqrt{c^2 \sigma_x^2 + s^2 \sigma_y^2 - 2sc \sigma_{xy}}, \\ \sigma_2 &= \sqrt{s^2 \sigma_x^2 + c^2 \sigma_y^2 + 2sc \sigma_{xy}}. \end{aligned}$$

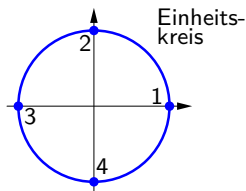
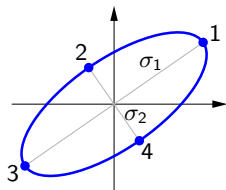


Abbildung mit \mathbf{T}



Varianz Anpassung

Kovarianzmatrix Σ ist i.A. chromosomenspezifisch
(Chromosom hat dann $n + \frac{n(n+1)}{2}$ Gene)

Mutation der Kovarianzen auf Rotationswinkeln und nicht direkt
auf Einträgen der Matrix:

$$\varphi'_{ik} = \varphi_{ik} + r \cdot N(0, 1)$$

mit $r \approx 0.0873$ ($\approx 5^\circ$)

$N(0, 1)$ in jedem Schritt neue normalverteilte Zufallszahl

Nachteile der korrelierten Mutation:

- deutlich mehr Parameter müssen angepasst werden
 - Varianzen und Rotationswinkel haben keinen direkten Einfluss auf Fitnessfunktion; ihre Anpassung geschieht eher „beiläufig“
- ⇒ fraglich, ob Anpassung der Winkel der Veränderung der eigentlich zu optimierenden Parameter schnell genug folgen kann

Crossover/Rekombination

zufällige Auswahl von Komponenten der Eltern:

$$\begin{array}{l} (\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \mathbf{x}_3, \dots, \mathbf{x}_{n-1}, \mathbf{x}_n) \\ (\mathbf{y}_1, \mathbf{y}_2, \mathbf{y}_3, \dots, \mathbf{y}_{n-1}, \mathbf{y}_n) \end{array} \Rightarrow (\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_2, \mathbf{y}_3, \dots, \mathbf{x}_{n-1}, \mathbf{y}_n)$$

entspricht dem **uniformen Crossover**

(im Prinzip auch 1-, 2- oder n -Punkt-Crossover möglich)

Mittelung (blending, intermediäre Rekombination):

$$\begin{array}{l} (x_1, \dots, x_n) \\ (y_1, \dots, y_n) \end{array} \Rightarrow \frac{1}{2}(x_1 + y_1, \dots, x_n + y_n)$$

Achtung: bei Mittelung besteht Gefahr des **Jenkins Nightmare**

- völliges Verschwinden jeglicher Verschiedenheit in Population
- durch Mittelung begünstigt, da Gene mittlerem Wert zustreben

Plus- versus Komma-Strategien

Vorteil der +-Strategie:

- wegen des strengen Eliteprinzips: nur Verbesserungen

Nachteile:

- Gefahr des Hängenbleibens in lokalen Minima
- für $(\mu + \lambda)$ -Strategie mit $\frac{\mu}{\lambda} \geq$ „beste W'keit für erfolgreiche Mutation“ ($\approx \frac{1}{5}$) haben Chromosomen Selektionsvorteil, die ihre Varianz σ^2 möglichst klein halten, da nicht genügend große Mutationen durchgeführt werden, um „echte“ Verbesserung zu erreichen („Beinahe-Stagnation“)
übliche Wahl des Verhältnisses von μ zu λ etwa 1:7

Wenn über mehrere Generationen keine Verbesserungen eintritt hilft es vorübergehend auf ,-Strategie umzuschalten um lokale Minima zu überwinden (erhöht Diversität in Population wieder)

Übersicht

1. Evolutionsstrategien

2. Evolutionäre Algorithmen zur Verhaltenssimulation

Das Gefangenendilemma

Genetischer Algorithmus

Erweiterungen

Evolutionäre Algorithmen zur Verhaltenssimulation

bisher: Verwendung von EAs um (numerische oder diskrete) Optimierungsprobleme zu lösen

jetzt: Verwendung von EAs um Verhalten zu simulieren (Populationsdynamik) und Verhaltensstrategien zu finden

Grundlage: Spieltheorie

- dient der Analyse sozialer und wirtschaftlicher Situationen
- Modellierung von Handlungen als Spielzüge in festgelegtem Rahmen
- wichtigste theoretische Grundlage der Wirtschaftswissenschaften

Allgemeiner Ansatz:

- kodiere Verhaltensstrategie eines Akteurs in Chromosom
- lasse Akteure miteinander interagieren und bewerte ihren Erfolg
- Akteure vermehren sich oder sterben aus, je nach erzieltm Erfolg

Das Gefangenendilemma

bekanntestes Problem der Spieltheorie ist das **Gefangenendilemma** (engl.: prisoner's dilemma)

- 2 Personen haben Banküberfall begangen und werden verhaftet
- Beweise reichen nicht aus, um sie in Indizienprozess wegen Banküberfall zu verurteilen
- Beweise reichen jedoch aus, um sie wegen eines geringfügigeren Deliktes (z.B. unerlaubter Waffenbesitz) zu verurteilen (Strafmaß: 1 Jahr Gefängnis)

Angebot des Staatsanwaltes: Kronzeugenregelung

- gesteht einer der beiden, wird er Kronzeuge und nicht verurteilt
- der andere wird mit voller Härte bestraft (10 Jahre Gefängnis)
- Problem: gestehen beide, gilt Kronzeugenregelung nicht da sie beide geständig sind, erhalten sie mildernde Umstände (Strafe: je 5 Jahre Gefängnis)

Das Gefangenendilemma

Analyse des Gefangenendilemmas durch **Auszahlungsmatrix**:

		B	
		schweigt	gesteht
A	schweigt	-1 -1	0 -10
	gesteht	0 -10	-5 -5

Kooperation (beide schweigen) ist insgesamt am günstigsten

Aber: doppeltes Geständnis ist **Nash-Gleichgewicht**:

keine der beiden Seiten kann ihre Auszahlung erhöhen, wenn nur sie ihre Aktion ändert (jede Auszahlungsmatrix hat mind. ein Nash-Gleichgewicht [Nash, 1950])

Allg. Auszahlungsmatrix des Gefangenendilemmas

	B		
A \	cooperate	defect	
cooperate	R	S	T
defect	T	P	P

R: Reward for mutual cooperation **P:** Punishment for mutual defection
T: Temptation to defect **S:** Sucker's payoff

- genaue Werte für **R**, **P**, **T** und **S** sind nicht wichtig
 - es muss aber gelten $T > R > P > S$ und $2R > T + S$
2. Bedingung nicht erfüllt \Rightarrow wechselweises Ausbeuten besser

Das Gefangenendilemma

Viele Alltagssituation: beschreibbar mit Gefangenendilemma

aber: obwohl doppelter Defekt = Nash-Gleichgewicht, auch anderes (kooperatives) Verhalten

Fragestellung (nach [Axelrod, 1980]):

Unter welchen Bedingungen entsteht Kooperation in einer Welt von Egoisten ohne zentrale Autorität?

Antwort von [Hobbes, 1651] (Leviathan):

- **Gar nicht!** Ehe staatliche Ordnung existierte, wurde Naturzustand dominiert von egoistischen Individuen, die so rücksichtslos gegeneinander wetteiferten, dass das Leben „solitary, poor, nasty, brutish, and short“ war.
- **aber:** Auf internationaler Ebene gibt es *de facto* keine zentrale Autorität, aber dennoch (wirtschaftliche und politische) Kooperation von Staaten.

Das Gefangenendilemma

Ansatz von [Axelrod, 1980]: **iteriertes Gefangenendilemma**.
(Gefangenendilemma von 2 Spielern mehrfach hintereinander gespielt, wobei sie vergangenen Züge des jeweils anderen Spielers kennen)

Idee dieses Ansatzes:

- wird Gefangenendilemma nur *einmal* gespielt, ist es am günstigsten, Nash-Gleichgewicht zu wählen
- wird es *mehrfach* gespielt, kann ein Spieler auf unkooperatives Verhalten des anderen reagieren
(Möglichkeit der *Vergeltung* für erlittene Nachteile)

Fragestellungen:

1. **Entsteht im iterierten Gefangenendilemma Kooperation?**
2. **Was ist die beste Strategie im iterierten Gefangenendilemma?**

Das Gefangenendilemma

[Axelrod, 1980] legte folgende **Auszahlungsmatrix** fest:

		B	
		cooperate	defect
A	cooperate	3, 3	0, 5
	defect	5, 0	1, 1

(kleinsten ganzen Zahlen ≥ 0 , die Bedingungen erfüllen)

- Wissenschaftler verschiedener Disziplinen (Psychologie, Sozial- und Politikwissenschaften, Wirtschaftswissenschaften, Mathematik) wurden eingeladen, Programme zu schreiben, die das iterierte Gefangenendilemma spielen
- Programm kann sich eigene und gegnerische Züge merken

Turniere

Zur Beantwortung beider Fragen führte Axelrod 2 Turniere durch:

1. Turnier:

- 14 Programme plus ein Zufallsspieler (Fortran)
- Rundenturnier mit 200 Spielen je Paarung
- Sieger: A. Rapoport mit Tit-for-Tat (Wie du mir, so ich dir)

Programme und Ergebnisse des ersten Turniers wurden veröffentlicht

zu einem zweiten Turnier eingeladen

Idee: Ergebnisanalyse für ggf. bessere Programme

2. Turnier:

- 62 Programme plus ein Zufallsspieler (Fortran und Basic)
- Rundenturnier mit 200 Spielen je Paarung
- Sieger: A. Rapoport mit Tit-for-Tat (Wie du mir, so ich dir)

Tit-for-Tat

Spielstrategie von **Tit-for-Tat** ist *sehr* einfach:

- kooperiere im ersten Spiel (spiele C)
- mache in allen folgenden Spielen den Zug des Gegners aus dem direkt vorangehenden Spiel

beachte: reines Tit-for-Tat ist nicht unbedingt beste Strategie, wenn gegen *einzelne* andere Strategien gespielt wird

- nur wenn es in Population Individuen gibt, mit denen Tit-for-Tat kooperieren kann, schneidet es insgesamt sehr gut ab
- **Problem** von Tit-for-Tat: Es ist **anfällig für Fehler** — spielt Tit-for-Tat gegen Tit-for-Tat und spielt einer der beiden Spieler „aus Versehen“ Defekt, so kommt es zu wechselseitigen Vergeltungsschlägen

Eine wichtige Alternative ist **Tit-for-Two-Tat**:

schlage erst nach zweimaligem Defekt des Gegners zurück

Genetischer Algorithmus

Kodierung der Spielstrategien: [Axelrod, 1987]

betrachte alle Spielverläufe der Länge 3 ($2^6 = 64$ Möglichkeiten)
speichere für jeden Spielverlauf den im nächsten Spiel
auszuführenden Zug (C – cooperate, D – defect, in 1 Bit):

		1. Spiel	2. Spiel	3. Spiel
1. Bit:	Antwort auf	(C,C),	(C,C),	(C,C):
2. Bit:	Antwort auf	(C,C),	(C,C),	(C,D):
3. Bit:	Antwort auf	(C,C),	(C,C),	(D,C):
⋮		⋮		⋮
64. Bit:	Antwort auf	(D,D),	(D,D),	(D,D):

C
D
C
⋮
D

(1. und 2. Element jedes Paares: eigener bzw. gegnerischer Zug)

Zusätzlich: 6 Bit zur Kodierung des Spielverlaufs vorm 1. Zug
jedes Chromosom hat 70 binäre Gene (jeweils C oder D)

Genetischer Algorithmus: Ablauf

initialisiere Anfangspopulation mit zufälligen Bitfolgen (70 Bit)

aus aktueller Population: wähle zufällig Paare von Individuen

sie spielen 200-mal Gefangendilemma gegeneinander

für die ersten 3 Spiele: nutze (ein Teil des) im Chromosom

abgespeicherten Anfangsspielverlaufs, um Zug zu bestimmen

(fehlende/zu kurze Historie wird ersetzt/aufgefüllt)

jedes Individuum spielt gegen gleiche Anzahl von Gegnern

(aus Rechenzeitgründen – 1987! – kein volles Rundenturnier)

Auswahl von Individuen für nächste Generation:

überdurchschnittliches Ergebnis ($x \geq \mu + \sigma$): 2 Kinder

durchschnittliches Ergebnis ($\mu - \sigma < x < \mu + \sigma$): 1 Kinder

unterdurchschnittliches Ergebnis ($\mu - \sigma \geq x$): 0 Kinder

genetische Operatoren: Binärmutation, 1-Punkt-Crossover

Genetischer Algorithmus: Ergebnis

sich ergebende Strategien sind **Tit-for-Tat** sehr ähnlich
[Axelrod, 1987] identifizierte folgende allgemeine Muster:

Don't rock the boat: kooperiere nach drei Kooperationen
(C,C), (C,C), (C,C) \rightarrow C

Be provokable: spiele Defekt nach plötzlichem Defekt des
Gegners

(C,C), (C,C), (C,D) \rightarrow D

Accept an apology: kooperiere nach wechselseitiger Ausbeutung
(C,C), (C,D), (D,C) \rightarrow C

Forget: (sei nicht nachtragend:) kooperiere nachdem Kooperation
nach Ausbeutung wiederhergestellt (auch ohne Vergeltung)

(C,C), (C,D), (C,C) \rightarrow C





Accept a rut: (rut *fig.* ausgefahrenes Gleis, alter Trott)
spiele Defekt nach dreimaligem Defekt des Gegners

(D,D), (D,D), (D,D) \rightarrow D


Das Gefangenendilemma: Erweiterungen


- in Praxis: Auswirkungen von Handlungen nicht immer perfekt beobachtbar
- nicht genauer Zug des Gegners, sondern nur W'keiten sind bekannt
- oft ≥ 2 Akteure beteiligt: Mehr-Personen-Gefangenendilemma
- Berücksichtigung längerer Spielverläufe (mehr als drei Spiele)
- Hinzunahme einer Zufallskomponente für die Wahl des Spielzugs: W'keiten für Wahl von C und D statt eines festen Zuges
- Beschreibung der Spielstrategie durch Moore-Automaten oder allgemeine Programme, die dann in GA verändert werden


Literatur zur Lehrveranstaltung I

-  Axelrod, R. (1980).
More effective choice in the prisoner's dilemma.
Journal of Conflict Resolution, 24:379–403.
-  Axelrod, R. (1987).
The evolution of strategies in the iterated prisoner's dilemma.
In Davis, L., editor, *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*,
pages 32–41. Morgan Kaufman, Los Altos, CA, USA.
-  Bäck, T. and Schwefel, H. (1993).
An overview of evolutionary algorithms for parameter
optimization.
Evolutionary Computation, 1(1):1–23.
-  Hobbes, T. (1651).
Leviathan.

Literatur zur Lehrveranstaltung II

-  Nash, J. F. (1950).
Non-cooperative games.
PhD thesis, Princeton University.

-  Nissen, V. (1997).
Einführung in evolutionäre Algorithmen: Optimierung nach dem Vorbild der Evolution.
Vieweg, Braunschweig/Wiesbaden, Germany.

-  Rechenberg, I. (1973).
Evolutionstrategie: Optimierung technischer Systeme nach Prinzipien der biologischen Evolution.
Fromman-Holzboog Verlag, Stuttgart, Germany.