

**Beiträge des Instituts für Umweltsystemforschung
der Universität Osnabrück**

Herausgeber: Prof. Dr. Michael Matthies

Beitrag Nr. 27

Komplexe Adaptive Systeme

Claudia Pahl-Wostl, Eva Ebenhöf (Hrsg.)

Juni 2003



ISSN-Nr. 1433-3805

**Beiträge des Instituts für Umweltsystemforschung
der Universität Osnabrück
ISSN 1433-3805**

Herausgeber

Prof. Dr. Michael Matthies
Universität Osnabrück
Institut für Umweltsystemforschung
Artilleriestr. 34

D-49069 Osnabrück

Tel. 0541/969-2575
Fax. 0541/969-2599

E-Mail: matthies@uos.de
<http://www.usf.uni-osnabrueck.de>

© USF – Institut für Umweltsystemforschung, Universität Osnabrück

Dieser Beitrag enthält die schriftlichen Ausarbeitungen der Studierenden zum Hauptseminar Angewandte Systemwissenschaft im Sommersemester 2002.

Inhaltsverzeichnis

1	Abubakr Ibrahim: Ökosysteme	5
1.1	Einleitung	5
1.2	Begriffe	6
1.2.1	Selbstorganisation	6
1.2.2	Emergenz	6
1.2.3	Kollektive Intelligenz	6
1.2.4	Stigmergy (Quantitative Stigmergy)	7
1.2.5	Self-Assembly (Qualitative Stigmergy)	7
1.3	Komplexe Adaptive Systeme in der Ökologie	7
1.3.1	Ameisenkolonie	7
1.3.2	Bienenkolonien	9
1.3.3	Termitenkolonie	10
1.4	Zusammenfassung	11
2	Stephan Mankart: Preisbildung an Wertpapiermärkten	14
2.1	Einleitung	14
2.2	Vorbemerkungen	15
2.2.1	Gegenwartswert	15
2.2.2	Entscheidung unter Unsicherheit: Mittelwert-Varianz Modell	15
2.3	Modellrahmen	16
2.4	Scheitern des deduktiven Ansatzes: heterogene Erwartungen	16
2.5	Induktiver Ansatz: Agenten mit heterogene Erwartungen	17
2.6	Der Santa Fe Artificial Stockmarket (SFASM)	18
2.6.1	Das Modell	18
2.6.2	Resultate	20
2.7	Zusammenfassende Diskussion	21
3	Harold Fellermann: Die Suche nach einem universellen Komplexitätsmaß	25
3.1	Einleitung	25
3.1.1	Motivation: wozu eine Formalisierung?	26
3.1.2	Begriffsbestimmung: was heißt ‚komplex‘?	27
3.1.3	die Notwendigkeit eines neuen Maßes	28
3.2	Vorschläge für Komplexitätsmaße	30
3.2.1	Maße der Informationstheorie und symbolischen Dynamik	30
3.2.2	Maße der Automatentheorie	33
3.2.3	weitere Ansätze	36
3.3	Diskussion	37
3.3.1	Komplexität vs. Chaos	37

3.3.2	Subjektive Aspekte der Komplexität	38
3.3.3	Vergleich der Maße	40
3.4	Zusammenfassung	41
4	Birgit Wippermann: Komplexe Adaptive Systeme in Organismen	44
4.1	Einleitung	44
4.2	Oszillatorische Systeme	45
4.2.1	Circadiane Rhythmen	45
4.2.2	Gekoppelte Oszilatoren	48
4.3	Chaotische Systeme	50
4.3.1	Geruchswahrnehmung	51
4.3.2	Chaotische Herzfrequenzen	52
4.4	Zusammenfassung	53
5	Ole Bahlmann, Matthias Peußner: Self-Organized Criticality	55
5.1	Einführung in SOC	55
5.1.1	Anfänge von SOC	55
5.1.2	Komplexe Systeme	56
5.2	Sandhaufen-Beispiel	56
5.3	Erbeben	57
5.3.1	Gutenberg-Richter Gesetz	57
5.3.2	Spring-Slider Block Model	57
5.4	Conley's Game of life	59
5.5	Evolutionsmodell	59
5.5.1	Einleitung	59
5.5.2	Modell nach Darwin	60
5.5.3	punctuated equilibrium	60
5.5.4	Fitnesslandschaften	61
5.5.5	Bak-Sneppen Modell	62
5.6	Dissipatives Modell aus der Elektrizität/ Hyperuniversalität	65
5.6.1	Einleitung	65
5.6.2	kontinuierliche Erweiterung des Sandhaufenmodells	65
5.6.3	Beobachtungen	66
5.6.4	zusätzliche Erweiterung	66
5.6.5	Bemerkungen und Zusammenfassung	67
5.7	Abschluß	67
6	Dominik Reusser, Frank von Walter: Metaphern und Modellierung evolutionärer Prozesse	69
6.1	Einleitung	70
6.1.1	Metaphern	71
6.2	Modelle	73
6.2.1	Bool'sche Netzwerke	73
6.2.2	Das NK-Modell	78
6.2.3	Verhaltensnetze	82
6.3	Anwendungen	83
6.3.1	Biologie	83
6.3.2	Soziale Systeme	89

6.4	Diskussion	94
7	Tobias Niemann: Complex Adaptive Systems. Distributed Control	99
7.1	Part I	99
7.1.1	Introduction to <i>Complex Adaptive Systems</i>	99
7.1.2	Introduction to <i>Distributed Control</i>	100
7.1.3	CAS & DC in technical systems	100
7.2	Part II	101
7.2.1	<i>Open Shortest Path First</i>	101
7.2.2	<i>Distributed Control</i> in power plants	102
7.3	Summary	103
8	Evolutionary Software Engineering	105
8.1	Motivation	105
8.2	Ziele	105
8.3	Tierra	106
8.3.1	Einführung	106
8.3.2	Der Virtuelle Computer	107
8.3.3	Sprache von Tierra	107
8.3.4	Das Betriebssystem	108
8.4	Simulation	109
8.5	Resultate	112
8.5.1	Co - Evolution	112
8.5.2	Optimierung	113
8.5.3	Instruktions - Sensitivität	115
8.6	Anwendbarkeit	116
8.7	Erweiterungen	116

Kapitel 1

Ökosysteme

Abubakr Ibrahim

September 2002

1.1 Einleitung

Der Begriff Ökosystem wurde 1935 von Tansley eingeführt. Er geht dabei von der Vorstellung aus, daß sich das Universum aus einem Netzwerk physikalischer Systeme verschiedener hierarchischer Stufen aufbaut. Die einzelne Systeme lassen sich abgrenzen und als Teile des Ganzen in die übergeordneten Strukturen des Gesamtsystems integrieren. Die Ökosysteme bilden dabei nach Tansley [1] eine große Gruppe dieser physikalischen Systeme.

Damit definiert Tansley eine neue Einheit, die alle Organismen in einem gegebenen Areal, sowie deren Beziehungen zur anorganischen Umwelt umfaßt. Die Organismen innerhalb eines Ökosystem bilden eine Lebensgemeinschaft, eine Biozönose ; ihre unbelebte Umwelt bezeichnet man als Lebensraum oder Biotop. Die Gesamtheit aller Ökosysteme auf der Erde ist die Biosphäre.

In der Ökologie, die sich im Wechselspiel von Theorie und Empirie als eigenständige Naturwissenschaft entwickelt hat, nahmen Systemansätze schon immer eine herausragende Stellung ein. Die gegenseitige Beeinflussung von Teilprozessen und des übergreifenden Wirkungsgefüges war stets eine zentrale Fragestellung der Ökologie, die in der Untersuchung der Umweltbeziehungen von Organismen impliziert ist.

In den fünfziger Jahren begann die Einführung der modernen Systemtheorie in der Ökologie. Angeregt insbesondere durch die Arbeiten der Brüder Odum[2], tritt die Systemtheorie in der Ökologie an mit der Zielsetzung, vereinheitlichende Prinzipien zu etablieren.

Die Systemtheorie ist kein einheitliches Konzept oder methodischer Ansatz, sondern beinhaltet eine Fülle von Ansätzen, die sich als nützlich für die Beschreibung und Vermittlung komplexer Sachverhalte erwiesen haben [3]. Während die älteren Systemtheorien im wesentlichen mit den Begriffen "Gleichgewicht", "linear", "statisch", "stationär", "deterministisch" und "homogen" arbeiten, werden heute die jeweiligen Gegenteile betont.

Ein Zweig der Systemtheorie, der in den neunziger Jahren Eingang in die Ökologie gefunden hat, ist die Hierarchie-Theorie [4] (kurz "HT") oder Integriationebentheorie. Die HT ist eine kompositionelle, d. h. mit diskreten Einheiten arbeitende Theorie.

Die verschiedenen Traditionen von Systemtheorien, die sich im Umgang mit der Komplexität entwickelt haben, werden unterschiedlich klassifiziert. Man spricht heute von "dynamischen

nicht linearen Systemen” bzw. “komplexen Systemen”. Die dynamischen nicht-linearen Systeme unterscheiden sich untereinander durch eine Vielzahl von Eigenschaften, wobei besonders der Grad der algorithmischen Komplexität, die Art des Attraktors sowie Art und Umfang von Informationsaufnahme, -transfer und -speicherung von Bedeutung sind.

Eine interessante Klasse von Systemen sind die Komplexen Adaptiven Systeme (CAS) und die selbstreferentiellen Systeme (SRS). Komplexität, Adaptivität und Selbstreferenz sind keine ausschließlichen Zuordnungen, sondern unscharfe Mengen. Die Population als Teilmenge eines Ökosystem gilt als Einheit der Selektion und stellt ein Beispiel eines Selbstreferentiellen System dar [5].

1.2 Begriffe

1.2.1 Selbstorganisation

Als Selbstorganisation bezeichnet man das spontane Entstehen von Ordnung. Erkennbar an zu beobachtenden Strukturen in ansonsten ungeordneten materiellen Systemen. Ein System ist dann selbstorganisiert, wenn es aus sich selbst heraus von einem bekannten Zustand in einen neuen, unbekanntem Zustand übergehen kann. Aus der Biologie ist uns dieses Phänomen in vielen Beispiele geläufig zum Beispiel bei der Bildung von Knospen und Blütenformen. Hier kann man die Bildung von komplizierten Strukturen beobachten, ohne daß von außen speziellen Einwirkungen erfolgen. Selbstorganisation tritt sowohl in der belebten Natur als auch in der unbelebten Natur, in geschlossenen und offenen Systemen auf. Der Tierverhaltensforscher Deneubourg [6] beschreibt den Begriff Selbstorganisation als:

“Selbstorganisation ist ein Prozeß bei der emergente Musterbildung im globalen Systemniveau erscheint aufgrund von internen Wechselwirkungen zwischen einzelnen Systemelementen auf der mikroskopischen Ebene. Die Regeln, die die Wechselwirkungen beeinflussen, sind Funktionen der lokalen Informationen und vom Zustand des Gesamtsystems unabhängig.”

1.2.2 Emergenz

Properties of a complex physical system are emergent just in case they are neither

- i properties had by any parts of the system taken in isolation nor*
- ii resultant of a mere summation of properties of parts of the system [7]*

Emergenz entsteht aufgrund der Wechselwirkungen von Systemelementen, die ihrerseits nicht über globale Eigenschaften des Systems verfügen.

1.2.3 Kollektive Intelligenz

Das hoch entwickelte soziale Verhalten der Ameisen, der Termiten, der Bienen oder Wespen wird als kollektive Intelligenz bezeichnet (Schwarmintelligenz). Es ist eine Intelligenz, die überall verteilt ist, sich ununterbrochen ihren Wert erschafft, in Echtzeit koordiniert wird und Kompetenzen effektiv mobilisieren kann [8].

1.2.4 Stigmergy (Quantitative Stigmergy)

Der Begriff wurde erstmals von Grasse eingeführt [9]. Er beobachtete Termiten beim Nestbau und ist zu folgendem Schluß gekommen:

Die Regulierung verschiedener Bauarbeiten und die Koordination zwischen den Arbeitern ist nicht unmittelbar von diesen Arbeitern abhängig. Der Arbeiter ist mehr vom Bauzustand beeinflusst. Ein Beispiel hierfür ist die Reaktion von Ameisen auf Pheromongradienten d.h. auf die Menge eines Wirkstoffs.

1.2.5 Self-Assembly (Qualitative Stigmergy)

Unterscheidet sich von SO durch die Tatsache, daß Individuen ihr Verhalten aufgrund eines qualitativen Effekts verändern. Ein Beispiel hierfür ist die Wirkung einer bestimmten Art von Pheromon, nicht aber dessen Menge. C. Anderson [10] betrachtet die oben aufgeführten Begriffe als *“fuzzy bounded”*.

1.3 Komplexe Adaptive Systeme in der Ökologie

Eine Insektenkolonie wird oft als Superorganismus bezeichnet, weil sich die Individuen wie Organe eines größeren Superindividuums verhalten. Das macht ihren großen Erfolg aus. Von 750.000 bekannten Insektenspezies sind 13.500 Spezies staatenbildend. 9500 davon sind Ameisen, der Rest sind Termiten und soziale Bienen und Wespen. Doch diese 2% aller Insektenspezies machen 50% der Biomasse aller Insekten aus. Warum? Die Frage nach den Ursachen der Kooperation zwischen an sich *“egoistischen”* Individuen ist seit Jahrhunderten Gegenstand der Forschung.

1.3.1 Ameisenkolonie

Wenn die Ameisen aus ihren Nest ausschwärmen, formieren sie sich zu einem geordneten Heer. In ihrem Fressrausch durchkämmen die Arbeiterinnen den gesamten Boden. Gefundene Nahrung wird mit den Kiefern gepackt und zum Nest geschleppt. Dort wartet die Königin, die alle Arbeiterinnen, mitunter mehr als zehn Millionen, zur Welt gebracht. Aber auch die Königin ist nicht der Kopf der Schar. Der vermeintliche Superorganismus steht unter keiner Oberaufsicht. Alle Arbeiterinnen handeln selbständig, laufen unentwegt hin und hier und kommunizieren auf vielfältige Weise miteinander. Sie folgen den Fährten, die andere mit ihren Duftstoffen gelegt haben. Futtersuche und Transport, die Versorgung der Nachkommenschaft oder Bestattung der Toten; all dies läuft reibungslos und zugleich führungslos ohne Top-down-Management. Eine der Gründe für den enormen ökologischen Erfolg sozialer Insekten ist die geordnete Organisation ihrer Staaten. Von besonderem Interesse sind hierbei die Verteilung der Aufgaben und die delokalisierten Entscheidungsprozesse.

Das *“kürzeste Weg Problem”*

Einer Gruppe von Ameisen gelingt es den kürzesten Weg zwischen Nest und Futterstelle zu finden. Jedes Tier hinterläßt dabei auf seinem Weg Pheromon, einen Wirkstoff, der andere Ameisen veranlaßt, diesem Weg zu folgen. Je mehr Ameisen einen bestimmten Weg gewählt haben, desto intensiver die Duftspur und desto eher wird eine weitere Ameise diesem Weg folgen und selbst wieder zu einer Verstärkung des Pheromon beitragen. Durch diesen autokatalytischen

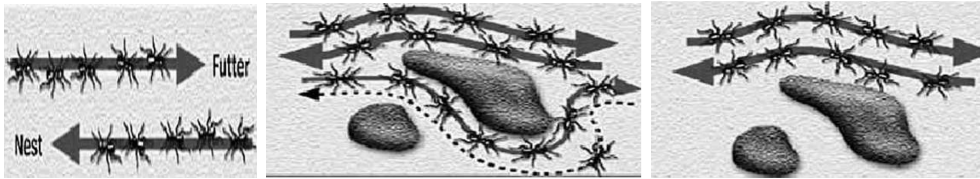


Abbildung 1.1: Eine Ameisenvolk findet den kürzesten Weg zwischen Nest und Futterstelle

Prozeß wird ein günstiger Weg markiert und schließlich von allen Ameisen als bester Pfad erkannt. Die Emergenz dieser selbstorganisierten Population der Ameisen führt zu einer optimale Lösung des Futtersuchproblems. Ein Erfolg, der wesentlich mehr ist als die Summe der Einzelleistungen individueller Ameisen.

Traveling Salesman Problem (TSP)

Das “Ant System Model” soll am Beispiel des TSP vorgestellt werden, das die Fragestellung nach der kürzesten Route beinhaltet, die ein Handlungsreisender, der alle Städte einer gegebenen Menge besuchen will, zurücklegen muß. Dieses Problem ist *NP*-hart, d.h. es sind nur Algorithmen mit exponentieller Laufzeit bekannt, die zu einer optimalen Lösung führen. Es werden deshalb hierfür etliche Algorithmen entwickelt, welche Näherungslösungen liefern. As und ACO gehören neben greedy-Algorithmen, Hill Climbing, Sampling and Clustering, GA, Neuronalen Netzen, 2-opt, Lin-Kerninghan und anderen Meta-Heuristiken auch mit zu dieser Klasse von approximativen Lösungsverfahren.

Modellkonzept TSP Instanz mit Graphen $G = (N, E)$ gegeben, wobei $N = 1, 2, \dots, n$ die Menge der Städte und E die Verbindungen zwischen ihnen repräsentieren. Die Entfernung zwischen den Städten i und j können wir mit

$$d_{ij} = \sqrt{(x_i - x_j)^2 + (y_i - y_j)^2}$$

berechnen. Wir suchen nun eine Route $R = (C1, C2), (C2, C3), \dots, (Cn - 1, Cn), (Cn, C1)$ mit $\forall l = 1, 2, \dots, n | l \in N$ bei der die Summe $\sum_{e \in R} d_e$ relativ klein wird. Zum Zeitpunkt t befinden sich in der Stadt i $b_i(t)$ Ameisen. Die Gesamtanzahl läßt sich dann angeben :

$$m = \sum_{i=1}^n b_i(t)$$

Die Pheromonintensität auf der Verbindung zwischen i und j ist gleich τ_{ij} gegeben, wobei

$$\tau_{ij}^{neu} = \rho \cdot \tau_{ij}^{alt} + \Delta\tau_{ij} \text{ und } \Delta\tau_{ij} = \sum_{k=1}^m \Delta\tau_{ij}^k$$

$\rho :=$ Flüchtigkeitskoeffizient $\in [0 : 1]$

$\Delta\tau_{ij}^k =$ Die Pheromonmenge mit der die k -te Ameise den Weg zwischen i und j markiert.

Damit Städte nicht wiederholt angelaufen werden, führen die Agenten Buch darüber, wo sie schon gewesen sind. Die Frage zu welcher Stadt der Agent als Nächstes geht, wird durch die Wahl der Wahrscheinlichkeit in Abhängigkeit von der Entfernung und der Pheromonintensität des Weges dorthin bestimmt. Die Auswahlwahrscheinlichkeit P_{ij}^k wird wie folgt definiert:

$$P_{ij}^k = \begin{cases} \frac{(\tau_{ij})^\alpha \times (v_{ij})^\beta}{\sum_{j \in A_k} (\tau_{ij})^\alpha \times (v_{ij})^\beta} & \text{falls } j \in A_k \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

A_k := die Menge der Städte, die von der k-ten Ameise noch nicht besucht wurden. $v_{ij} := \frac{1}{d_{ij}}$ mit α und β als Wichtungs-Parameter. Man unterscheidet zwischen Ant-density, Ant-quantity und Ant-cycle Algorithmen. Während bei Ant-density Verfahren die Pheromonänderung auf der Verbindung zwischen i und j von der Entfernung d_{ij} unabhängig ist, wird diese Abhängigkeit bei Ant-quantity Modellen berücksichtigt. Ant-cycle unterscheidet sich von den anderen Modellen außerdem im Zeitpunkt der Pheromonänderung.

1.3.2 Bienenkolonien

Bienen, die eine neue Futterquelle entdecken, kehren in den Stock zurück und führen dort eine Art Tanz auf. Dieser enthält im Prinzip alle Informationen über die Lage der Futterstelle. Die Tanzsprache der Honigbienen ist ein Beispiel hochdifferenzierter Kommunikation zwischen den Mitgliedern einer Kolonie. Im Feld umherfliegende Sammlerinnen sammeln nicht nur Nahrung, sondern auch wichtige Informationen (Entfernung und Lage der Futterstelle), die dann im dunklen Stock an die Nestgenossinnen weitergegeben werden. So können neue Nahrungsressourcen kooperativ effektiv ausgebeutet werden. Bienen sind in der Lage sich die verschiedenen Farben und Düfte der Pflanzen zu merken. Forscher aus verschiedenen Forschungsdiziplinen beschäftigen sich mit der Komplexität im Insektenleben [11, 12, 13]. Faszinierend sind vor allem solche Eigenschaften wie das Selbst-opfern, “Division of labour” und die adaptive Fähigkeit gegenüber eine veränderlichen Umwelt.

Eine Honigbienenkolonie teilt sich die verschiedenen Aufgaben. Die Arbeiterinnen durchkämmen die Umgebung nach Futter, Arbeiterinnen beschäftigen sich mit dem Nestbau, während einige sich um die Larve kümmern. Wird die Kolonie von außen angegriffen, so werden sofort Tausende von Individuen mobilisiert und greifen die Feinde an. Durch Stechen der angreifenden Feinde sterben die Bienen. Wie kann dieses Verhalten erklärt werden? Das Selektionsprinzip ist in der Kolonie-Ebene gerichtet. Welcher Zusammenhang besteht zwischen dem Begriff “*response threshold*” und der Evolution des sozialen Verhaltens der Bienen? *Response threshold* besagt, daß ein Individuum nur dann auf bestimmte Stimuli mit der entsprechenden Reaktion reagiert, wenn diese ein Minimum erreicht hat [14].

Beispiel: Thermoregulierung eines Bienennests. Die Kammer des Königin wird bei eine Temperatur von ca. 34.5 °C gehalten [15]. Höhere Temperatur veranlaßt Kühlungsverhalten von nur einigen Mitgliedern, die einen Temperatur *Response threshold* von 34.5°C haben. Diese Gruppe versucht durch bestimmte Bewegung ihrer Flügel die Temperatur zu senken. Mit sinkender Temperatur reduziert sich die Wahrscheinlichkeit, daß sich andere Bienen die einen höheren *response threshold* besitzen, an der Aktion beteiligen. Sakagami und Maeta [16] demonstrierten durch Experimente, daß die Phänomene der Arbeitsteilung “*Division of Labour*” sowohl eine Eigenschaft der sozial lebenden Bienen als auch der einzeln lebenden Spezies ist. D.h. der Schritt zwischen Einzelgänger und Kolonieleben erfordert keine neue Gene. Die einfache Wechselwirkungsbeziehung Reizreaktion “*Stimulus-response*” und die Korrelation zwischen Verhalten und Reizintensität sind die Ursachen hinter dem Mechanismus, mit dem soziale Organisation aus einer Gruppe von Individuen entsteht. Das Ergebnis “*Division of Labour*” ist eine unvermeidliche Eigenschaft Desk gemeinsamen Lebens, weil auch einsame Arten von Bienen die genetische Veranlagung zum “*Division of Labour*” besitzen [17].

Betrachtet man die soziale Organisation eines Insektenstaats als emergente Eigenschaft eines Informationsnetzwerkes [18], so stellt man fest, daß es für riesige Kolonien nicht möglich ist, größere Informationsnetzwerke zu betreiben mit direkten Wechselwirkungen zwischen den Elementen. Verschiedene Studien über Honigbienen [19], bestätigen den sogenannten “*Clue effect*”. Es handelt sich um Hinweise, die ein bestimmtes Verhalten anreizen.

Beispiel: Arbeiterinnen sammeln Pollen. Die Menge an Pollen die in einem Nest zu einem bestimmten Zeitpunkt geliefert wird, ist eine Funktion der vorhandenen Menge, der Anzahl an zu fütternden Larven, der Rate mit der Pollen aus dem Nest konsumiert werden und der Anzahl an leeren Vorratskammern, d. h leere Vorratskammern bewirken mehr Pollen und weniger Larven bewirken weniger Pollen., Auch hier teilen sich die Arbeiterinnen die Aufgaben dadurch, daß sie unterschiedliche “*response threshold*” aufweisen.

1.3.3 Termitenkolonie

Nestbau gilt als eine der faszinierendsten Eigenschaften von Insektenstaaten. Honigbienen, Ameisen und Termiten bilden besonders hoch organisierte Staaten mit strukturell und funktionell spezialisierten Individuen. Das Leben in der Gemeinschaft ist in diesem Zusammenhang eine kollektive Maßnahme zur Artenerhaltung. Die bloße Ansammlung von Tieren verkörpert jedoch noch kein kollektives Verhalten. Echte Sozietät setzt intensive gegenseitige Bezugnahme der teilnehmenden Individuen voraus. Verschiedene Insektenarten nutzen die umgebende Umwelt, um ihre Nester zu bauen. Wichtig ist dabei z. B. die Temperatur und der Feuchtigkeitsgrad. Ganz allgemein weisen diese Insektenkolonien ein gemeinsames Verhalten auf, das vom Klima und den Bodeneigenschaften abhängig ist..

Die Termitenbauten sind von sehr verschiedener Form. Die Nester bestimmter tropischer Arten sind große, hügelartige Bauten, manchmal bis zu sechs Meter hoch. Diese Bauten haben zementartige Wände, die aus mit Speichel vermischem Erdreich bestehen und von der Sonne “gebrannt” werden. Innerhalb des Baus finden sich zahlreiche Kammern und Galerien, die durch ein komplexes Gangsystem miteinander verbunden sind. Es gibt ein Entlüftungs- und Entwässerungssystem; die Wärme, die für die Brut benötigt wird, entsteht durch die Gärung organischer Stoffe, die in den Brutkammern gespeichert werden. Bei Termiten der Art *Macrotermes subhyalinus* stimuliert die Königin die Arbeiterinsekten mit Hilfe eines Pheromones. Nur innerhalb bestimmter Konzentrationen wird an dem angefangenen Königsraum weiter gebaut.

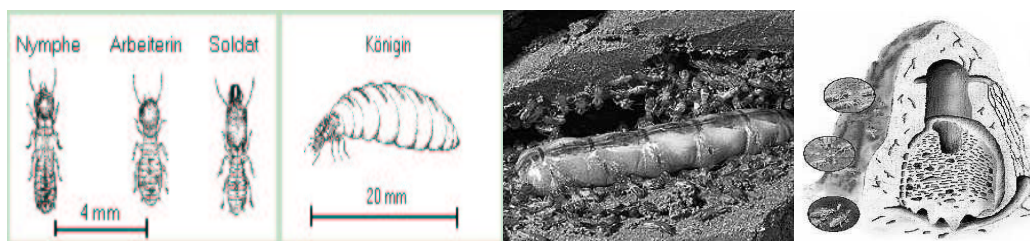


Abbildung 1.2: Eine Termiten-Familie , Termiten-Königin beim Eierlegen und ein Querschnitt eines Termitennestes

1.4 Zusammenfassung

Forschungen im Bereich der Systemtheorie und Chaos liefern wichtige Hinweise dafür, wie sich komplexe Systeme selbst organisieren. Die Natur bietet hervorragende Beispiele für adaptive komplexe Systeme. Insekten wie Ameisen, Bienen, Wespen oder Termiten sind in der Lage kooperative soziale Strukturen zu bilden. Es entstehen biologische Einheiten höherer Ordnung sog. "Superorganismen". Superorganismen sind in der Lage, mehr Informationen über die Außenwelt aufzunehmen, zu verarbeiten, zu speichern und umzusetzen, mehr als es je ein einzelnes Mitglied könnte. Experimente zeigen, dass kein Einzeltier das Gesamtmuster überblickt oder auch nur einen inneren Plan darüber besitzt. Aus dem Austausch lokaler Prozesse entsteht dann selbstorganisiert ein für die gesamte Kolonie ökonomisch und energetisch sinnvolles Globalmuster.

Beim Übergang von der unbelebten zur belebten Natur kommt erstmals ein Phänomen in die Natur das als Lernen bezeichnet werden kann. Informationsverdichtung, Adaptabilität, Reliabilität und Vielseitigkeit betonen Teilaspekte davon. Lernen heißt, Kenntnisse, Fähigkeiten, Fertigkeiten zu erwerben. Lebende Systeme sind in ihre Gesamtheit materiell abgegrenzt gegen die Umwelt und selbstreproduktiv mit einer gewissen Freiheit, die die Fehl- und Erfolgsquote bestimmt. Komplexe adaptive Systeme wie sie bei sozialen Insekten vorkommen, setzen vor allem das genetische Lernsystem voraus. Intrazellulär wie extrazellulär gemachte Erfahrungen werden mehr oder weniger erfolgreich an Nachfahren vererbt und damit reproduziert. In dieser Generation Erfolgreiches wird als Gelerntes an die nächste weitergegeben. Eine weitere Form des Lernens ist das assoziative Lernen. Gemachte Erfahrungen werden zum Beispiel in bedingten Reflexen gespeichert und stehen später in einer ähnlichen Situation einer angepaßteren Reaktion zur Verfügung. Diese Form des Lernens stellt insofern ein beschleunigtes Lernen dar, als Erfolgreiches nicht erst in der nächsten Generation, sondern innerhalb des gleichen Organismus weiter optimiert werden kann.

Im Laufe der biologischen Evolution haben sich Systeme entwickelt, die im Wechselspiel mit ihrer äußeren und inneren Umwelt einen unablässigen Lernprozeß durchlaufen, der die Individuen stets erfolgreicher mit den Überraschungen eben dieser äußeren und inneren Umwelten umgehen läßt. Der Fortentwicklung von genetischen zu neuronalen und sozialen Systemen entspricht eine Zunahme der gespeicherten Informationsmenge sowie der Sicherheit und der Freiheit im Umgang mit komplexen Handlungssituationen. Preis dafür ist, aus thermodynamischen Gründen, ein parallel steigender Energiebedarf sowie eine durch die erhöhte Eigenkomplexität verstärkte Fehlerintoleranz und eine paradoxerweise daraus resultierende zunehmende Abhängigkeit von der Konstanz der Umweltbedingungen.

Literaturverzeichnis

- [1] A. G. Tansley, The use and abuse of vegetational concepts and terms. *Ecology* (16) 284-307.1935
- [2] H. T. Odum. 1957. Trophic structure and produktivity of Silver Springs, Florida. *Ecol. Monogr.* 27:55-112
- [3] L. V. Bertalanffy, 1968. *General System Theory*. Braziller, New York
- [4] T. F. H. Allen; T. W. Hoekstra, 1992 : *Toward a Unified Ecology*. Columbia Univ. Press, Columbia
- [5] J. H. Brown, 1995 : organisms and species complex adaptive systems: Linking the biology of population with the Physics of Ökosystem. In : James, C. G; J. H. Lawton: *Linking species and Ecosystems*, Chapman and Hall, New York :16-24
- [6] Deneubourg, Camazine, Franks : *Self-Organization in biological Systems*. Princeton Univ. Press 2001
- [7] *The Dictionary of Philodophy of Mind*
- [8] Pierre Levy, *Collective Intelligence*, Robert Bononno
- [9] Grasse, P. P. , 1959 , La reconstruction de nid et les coordination inter-indivduelles chez *Bellicositermes natalensis* et *Cubiterms* sp. La theorie de la stigmergie: Es-said'interpretation des termites constructeurs. *Insectes Sociaux*,6,41-63
- [10] Universität Regensburg, INTERNET <http://www.biologie.uni-regensburg.de> oder <http://www.duke.edu/~carl>
- [11] H. Esch, S. Zhang. M. Srinivasan und J. Tautz: Honeybee Dances Communicate Distance by Optic Flow Informationsdienst Wissenschaft (idw) Pressemitteilung Bayerische Julius-Maximilians-Universität Würzburg
- [12] G. Theraulaz, E. W. Bonabeau , Why do we need artificial life? : *Artificial Life*, 1(3):303-325, 1994
- [13] E. Robert , Jr. Page , J. Erber , *Naturwissenschaften* (2002) 89:91-106
- [14] Campbell, DC, NM Waser, MV Price, EA Lynch, RJ Mitchell. 1991Components of phenotypic selection: pollen export and corolla width in *Ipomopsis aggregata*. *Evolution* 45:1458-1467.
- [15] Seeley, T.D. 1995. *The Wisdom of the Hive*. Harvard University Press.

- [16] Sakagami, S. F., and Y. Maeta 1987. Sociality, induced and /or natural, in the basically solitary small carpenter bees (*Ceratina*). Pages 1-16 in Y. Ito, J. L. Brown, and J. Kikkawa, eds. Animal Soc. Press, Tokyo.
- [17] Fewell and Page 1999 Scheiner, J. Erber, and R. E. Page. 1999. Tactile learning and the individual evaluation of the reward in honey bees. *Journal Comparative Physiology A* 185:
- [18] Page, R. E., J. Erber, and M. K. Fondrk. 1998. The effect of genotype on response thresholds to sucrose and foraging behavior of honey bees (*Apis mellifera* L.). *Journal of Comparative Physiology A* 182: 489-500.
- [19] S. Camazine (1993) The regulation of Pollen forages by honey bees: how foragers assess the colony's need for pollen , *Behav. Ecol. Sociobiol* 32:265-272

Societies: Theories and Facts. Japan. Sci.

Kapitel 2

Preisbildung an Wertpapiermärkten

Stephan Mankart

Oktober 2002

Zusammenfassung

Im Anschluss an eine Diskussion der Modellierung von Anlegererwartungen an Wertpapiermärkten (induktiver vs. deduktiver Ansatz), wird ein in den Neunzigern am Santa Fe Institut (SFI) entwickeltes agentenbasiertes Modell und dessen wichtigsten Resultate vorgestellt. Das als *Santa Fe Artificial Stockmarket* (SFASM) in die Literatur eingegangene Modell unterscheidet sich von klassischen Modellen in diesem Bereich insofern, als es einen induktiven Ansatz zur Ermittlung der Anlegererwartungen verwendet und heterogene, sich individuell an den die Marktentwicklung anpassende Anlegererwartungen zulässt.

2.1 Einleitung

An Wertpapiermärkten herrscht eine wechselseitige Abhängigkeit von Markt- und Anlegerverhalten. Anleger passen ihre Erwartungen und damit ihr Verhalten fortwährend an das Marktverhalten an, welches sich umgekehrt aus der Aggregation der individuellen Anlegerentscheidungen ergibt.

Klassische Modelle zur Preisbildung an Wertpapiermärkten stützen sich wesentlich auf die Annahme repräsentativer Agenten (d.h. homogene Agenten, die über homogene Erwartungen verfügen). Diese restriktive Annahme stellt die analytische Lösbarkeit solcher Modelle sicher. Arbeiten und Modelle die diesen Rahmen zugrunde legen sind beispielsweise die von Lucas, Diba und Grossman, sowie das einperiodige Capital Asset Pricing Modell [Luc78], [DuG88], [Kru99, Kap. 5]. Mit Hilfe der klassischen Modelle wurden grundlegende Erkenntnisse über die Preisbildung an Wertpapiermärkten gewonnen. Allerdings klafft zwischen den Resultaten dieser Modelle und empirisch in Wertpapiermarktzeitreihen zu beobachtenden Phänomenen eine erhebliche Lücke.

Arthur et al. spitzen diese Lücke in einer Veröffentlichung über den SFASM auf die Existenz zweier unterschiedlicher Sichtweisen auf Wertpapiermärkte zu [Art97]. Eine der dort benannten Sichtweisen ist diejenige von akademischen Theoretikern, die von der Effizienz der Märkte überzeugt sind und deren Leitbild die klassischen Modelle darstellen. Die zweite Perspektive ist die der Praktiker (Anleger, Händler), die an spekulative Profitmöglichkeiten in Märkten und etwas, das als 'Marktpsychologie' bezeichnet werden kann glauben. Außerdem halten sie

*technischen Handel*¹ in bestimmten Marktphasen für profitabel. Letzteres wird von der Empirie durchaus gestützt [Art97, S. 17].

Der SFASM schlägt einen Preisbildungsmechanismus vor, der heterogene Erwartungen über die Marktentwicklung seitens der Agenten zulässt. Da der Gesamtmarkt, bzw. dessen Verhalten durch die Aggregation der individuell unterschiedlichen Verhaltensweisen aller Anleger gebildet wird, kann dieser Ansatz als induktiv bezeichnet werden. Der entsprechende deduktive Gegensatz findet in den klassischen Modellen Anwendung. Dort teilen alle Agenten dieselbe Erwartung.

Erstaunlicherweise stützt der SFASM unter bestimmten, jeweils von einander verschiedenen Bedingungen sowohl die Sicht der Theoretiker, als auch die der Praktiker.

2.2 Vorbemerkungen

2.2.1 Gegenwartswert

Da es sich bei Anlageentscheidungen um intertemporäre Entscheidungen handelt, muss die Zeitpräferenz der Anleger berücksichtigt werden. Diese besagt, dass einem Anleger eine Geldeinheit heute lieber ist, als dieselbe Geldeinheit morgen. D.h. der Anleger muss für eine Verlagerung einer Konsummöglichkeit in die Zukunft entschädigt werden. In Bezug auf den Gegenwartswert eines Finanztitels bedeutet dies: die erwarteten Rückflüsse müssen mit dem herrschenden Zinssatz r diskontiert werden.

- Für sichere Rückflüsse x gilt: $p = \frac{x}{1+r}$

- Für unsichere, erwartete Rückflüsse $E[x]$ gilt: $p = \frac{E[x] - \text{Risiko}praeemie}{1+r}$

2.2.2 Entscheidung unter Unsicherheit: Mittelwert-Varianz Modell

Wertpapiermärkte mit riskanten Anlagemöglichkeiten zwingen Anleger dazu, dieses Risiko in ihre Entscheidungen einzubeziehen. Unter riskant ist hierbei zu verstehen, dass die Rückflüsse aus einem Finanztitel zum Zeitpunkt des Erwerbs nicht feststehen. Bei Wertpapieren setzen sich die Rückflüsse aus Dividende und Kurswert zusammen.

Eine Möglichkeit Risiko zu repräsentieren bietet das sogenannte Mittelwert-Varianz-Modell (s. [Var93, Kap. 13] oder [Kru99, S. 116]). Hierbei hängt die Nutzenfunktion u eines Anlegers von der Wahrscheinlichkeitsverteilung des Ertrages ab.

$$u = u(E[x], \sigma^2), \text{ mit } du/dE[x] > 0 \text{ und } du/d\sigma^2 < 0$$

Die Varianz σ^2 des Ertrages repräsentiert das spezifische Risiko eines Finanztitels. Die Ableitungen beschreiben die Nutzenänderung nach einer Änderung des erwarteten Rückflusses, bzw. deren Varianz. Steigt der erwartete Rückfluss steigt auch der Nutzen. Bei steigendem Risiko verringert sich der Nutzen. Gemäß dieser Nutzenreduktion sinkt dann auch die Zahlungsbereitschaft der Anleger, was einen geringeren Marktwert des Titels zur Folge hat.

¹Aus dem Engl. für technical trading: Handeln aufgrund von Mustern in den Preisdaten der Vergangenheit.

2.3 Modellrahmen

Für die Untersuchung der Preisbildung an Wertpapiermärkten hat sich folgender Rahmen etabliert: neben einem oder mehreren riskanten Wertpapier(en) wird ein risikofreier, festverzinslicher und in beliebigen Mengen zu Verfügung stehender Bond eingeführt. Beide Titel werden als beliebig teilbar angenommen; Agenten halten Anteile an Titeln. Die Anlageentscheidung der Agenten besteht in der Aufteilung ihres Budgets in Investitionen in Bonds und Wertpapiere. Risikoneutrale Anleger beispielsweise verhalten sich in diesem Rahmen optimal, wenn sie ihr Kapital solange in Wertpapiere investieren, wie der erwartete Ertrag aus den Wertpapieren größer als der sichere Ertrag aus den Bonds ist [Tes02b, B. Analytical...].²

2.4 Scheitern des deduktiven Ansatzes: heterogene Erwartungen

Wie in der Einleitung bereits erwähnt, ist der deduktive Ansatz zur Ermittlung der Anlegererwartungen eng mit dem Konzept repräsentativer Agenten verknüpft. Im folgenden wird dieser für die klassischen Modelle grundlegende Ansatz kurz dargelegt und aufgezeigt welchen Einschränkungen er unterliegt, bzw. wie stark er auf bestimmte Annahmen angewiesen ist (vgl. [Art97, S. 19] oder [Art94, S. 23]).

Das Konzept repräsentativer Agenten unterstellt vollkommene Homogenität von Agenten in bezug auf Struktur und bestimmte Eigenschaften, wie beispielsweise der Erwartungshaltung. Diese Annahme ermöglicht es, selbst Modelle mit einer großen Anzahl von Agenten mittels Deduktion analytisch zu lösen.

Zugrunde liegt der oben besprochenen Modellrahmen. Es gibt einen risikofreien Bond, der mit einem konstanten Satz r verzinst wird und ein riskantes Wertpapier mit einer stochastischen Dividende d_t . Betrachtet werden N Agenten. Jeder Agent i formt individuelle Erwartung hinsichtlich der Dividende und des Wertpapierpreises der nächsten Periode, $E_i[d_{t+1}|I_t]$ und $E_i[p_{t+1}|I_t]$. I_t bezeichnet die zum jeweiligen Zeitpunkt verfügbare Information bestehend aus: Marktdaten, Gerüchten, Wirtschaftsprognosen etc. . Unter perfekter Arbitrage wird der Wertpapiermarkt zu folgendem Gleichgewichtspreis geräumt:

$$p_t = \beta \sum_j w_{j,t} (E_j[d_{t+1}|I_t] + E_j[p_{t+1}|I_t]). \quad (2.1)$$

Die Gewichte $w_{j,t} = (1/\sigma_{j,t}^2) / \sum_k 1/\sigma_{k,t}^2$ geben die relative Güte einer individuellen Vorhersage wieder, $\beta = 1/(1+r)$ ist der Diskontierfaktor.

Der Preis eines Finanztitels in einer bestimmten Periode ergibt sich demnach aus der Summe der individuellen Dividenden- und Preiserwartungen für die nachfolgende Periode.

Um die individuellen Erwartungen E_i zu ermittelt behilft sich der klassische Ansatz an dieser Stelle mit folgenden Annahmen bezüglich der Homogenität der Erwartungen:

(i.) alle Anleger verarbeiten I_t gleich bei der Bildung ihrer Dividendenerwartungen (ii.) alle wissen, dass die anderen die gleichen Erwartungen haben (iii.) alle sind vollkommen rational (iv.) alle wissen, dass der Preis gemäss (2.1) bestimmt wird (v.) (iii.) und (iv.) sind Allgemeinwissen. Damit sind die Dividendenerwartungen $E_i[d_{t+k}|I_t]$ definitionsgemäß bekannt, geteilt und

²Das Konzept der Risikoeinstellung von Anlegern wird hier nicht näher beleuchtet, die intuitive Vorstellung, die sich aus den Bezeichnungen risikoavers, -neutral und -freudig ergibt, genügt für das Verständnis der hier vorgestellten Zusammenhänge. Darstellung des Konzeptes befinden sich in jeder Einführung in die Mikroökonomie oder die Finanzwissenschaft (s. [Var93, Kap. 12] oder [Kru99, S. 102])

identisch. Dies erlaubt es $w_{j,t}$ in (2.1) durch $1/N$ zu ersetzen. Es bleibt

$$p_t = \beta(E[d_{t+1}|I_t] + E[p_{t+1}|I_t]). \quad (2.2)$$

Durch sukzessive Bildung von $E[p_{t+k}] = \beta(E[d_{t+k+1}|I_t] + E[p_{t+k+1}|I_t])$ und Rücksubstitution erhält man

$$p_t = \sum_{k=1}^{\infty} \beta^k E[d_{t+k}|I_t]. \quad (2.3)$$

Demnach ist der Preis eines Wertpapiers zum Zeitpunkt t eindeutig durch die Dividendenerwartungen gegeben. In die Erwartungsbildung gehen dabei nur die zum Zeitpunkt t bekannten Informationen ein. Jede Preisänderung ist somit auf eine geänderte Informationslage zurückzuführen. Aus diesem Grund wird der sich einstellende Preis auch als Fundamentalwert bezeichnet. Abweichungen vom Fundamentalwert, Phänomene wie Preisblasen oder Kurszusammenbrüche sind in diesem Rahmen unmöglich. Damit ist auch die Möglichkeit gewinnbringenden technischen Handels ausgeschlossen. Der Markt ist (informations-)effizient und befindet sich in einem sogenannten rationalen Erwartungsgleichgewicht. Ein solches Gleichgewicht liegt vor, wenn der aus den Anlegererwartungen resultierende Preis des Wertpapiers zum Zeitpunkt p_{t+1} mit den Erwartungen zum Zeitpunkt t übereinstimmt.

Lässt man anstelle der Homogenität der Erwartungen Heterogenität derselben zu, ist (2.1) nicht mehr eindeutig lösbar. Erste Schwierigkeiten ergeben sich bei der Bestimmung der individuellen Dividendenerwartungen. Das entscheidende Problem stellt allerdings die Tatsache dar, dass der iterative Ansatz von oben scheitert.

$$E_i[p_{t+1}] = \beta E_i \left[\sum_j (w_{j,t+1} (E_j[d_{t+2}|I_t] + E_j[p_{t+2}|I_t])) | I_t \right] \quad (2.4)$$

enthält in diesem Fall Erwartungen über Erwartungen anderer. Abgesehen davon, dass Agent i hierfür eine Erwartung über die Erwartung von j bilden müsste, führt der Versuch $E_j[p_{t+2}]$ zu eliminieren dazu, dass zusätzlich erwartete Rückflüsse für Periode $t+3$ berücksichtigt werden müssten. Mit jedem Iterationsschritt kommt eine weitere Erwartung hinzu. Fortgesetzt führte dies zu einem unendlichen Regress bezüglich subjektiver Erwartungen über subjektive Erwartungen anderer.

2.5 Induktiver Ansatz: Agenten mit heterogene Erwartungen

Nach dem Scheitern des deduktiven Ansatzes bei Zulassung heterogener Erwartungen liegt es nahe einen induktiven zu entwickeln. In einem solchen Szenario bildet jeder Agent, unter Ausnutzung der ihm vorliegenden Informationen (Marktdaten, Gerüchte, allgemeine wirtschaftliche Lage, etc.), individuelle Erwartungen über die zukünftigen Rückflüsse. Aufgrund der individuellen Informationsverarbeitung und -nutzung kann es hier, im Gegensatz zum Szenario mit homogenen Erwartungen, zu Abweichungen vom Fundamentalwert des Wertpapiers kommen. Phänomene wie Preisblasen oder -einbrüche und profitabler technischer Handel sind somit möglich. D.h. auch, dass sich der Markt nicht in einem rationalen Erwartungsgleichgewicht befinden muss. Ob er das dennoch tut, bzw. sich zumindest eine Konvergenz hin zum rationale Erwartungsgleichgewicht abzeichnet, ist eine naheliegende und spannende Frage.

2.6 Der Santa Fe Artificial Stockmarket (SFASM)

2.6.1 Das Modell

Der SFASM ist ein zunächst in der NeXTStep-Umgebung entwickeltes und später in SWARM portiertes agentenbasiertes Simulationsmodell. Er folgt dem am SFI geprägten 'Komplexe adaptive Systeme'-Paradigma und kombiniert den neoklassischen Gleichgewichtspreismechanismus bezüglich Angebot und Nachfrage mit einem induktiven Ansatz hinsichtlich der Erwartungsbildung. Die Agenten im SFASM bilden unter Ausnutzung der ihnen bekannten Informationen eine Vielzahl von Hypothesen über die zukünftige Marktentwicklung und treffen ihre Anlageentscheidung aufgrund der geeignetsten. Die Hypothesenbildung und ein damit verbundener Lernprozess wird mit Hilfe eines Klassifizierersystems repräsentiert.

Die wichtigsten Veröffentlichungen zum SFASM stammen von Arthur et al. und LeBaron et al. [Art97], [LeB99]. In der vorliegenden Arbeit wurde, soweit möglich, die Notation aus Arthur et al. übernommen. Zum Teil werden die von Arthur et al. verwendeten Parameterwerte direkt im Text in eckigen Klammern [] angegeben.

Induktive Erwartungsbildung und Lernen

Das verwendete Klassifizierersystem ist eine Abwandlung des klassischen Zustand-Aktion-Systems [Hol75], [Hol86]. Dabei werden Zustand-Vorhersage-Regeln verwendet, um aus der aktuellen Marktsituation eine Prognose (Hypothese) für die Marktentwicklung abzuleiten. Der Zustandsteil einer solchen Regel *erkennt* die aktuelle Marktsituation und mit Hilfe des Vorhersageteils wird eine Hypothese bezüglich der erwarteten Rückflüsse $\tilde{E}_{j,t}(p_{t+1} + d_{t+1} | I_t)$ gebildet. Bei $\tilde{E}_{j,t}$ handelt es sich nicht um einen Erwartungswert im streng mathematischen Sinn, sondern lediglich um eine Hypothese aufgrund deren Agent j handelt. Alle N Agenten [25] verfügen über eine Vielzahl von Zustand-Vorhersage-Regeln [100], wovon in jedem Zeitschritt eine ausgewählt und entsprechend gehandelt wird. Notwendige Bedingung für die Auswahl einer bestimmten Regel, bzw. einer bestimmten Hypothese ist das korrekte Beschreiben des aktuellen Marktzustands. Im Falle der Aktivierung mehrerer Regeln, wird diejenige gewählt, die in der Vergangenheit die besten Vorhersagen geliefert hat.

Die Beschreibung des Marktzustands erfolgt in Form eines Bitstrings der Länge zwölf, gefüllt mit 1, 0 und #. 1 steht für die Erfüllung einer bestimmten Bedingung, 0 für die Nichterfüllung und # stellt einen Joker dar, der auf beide Situationen zutrifft. Die einzelnen Bits haben folgende Bedeutung:

- 1-6** Aktueller Preis \times Zins/Dividende $> 0.25, 0.5, 0.75, 0.875, 1, 1.125$
- 7-10** Aktueller Preis $>$ 5-periodiges wanderndes Mittel der vorherigen Preise (WM), > 10 -per. WM, > 100 -per. WM, > 500 -per. WM
- 11,12** Kontrollbits

Bei den Bits 1-6 handelt es sich um sogenannte Fundamentaldaten. Sie spiegeln das Verhältnis zwischen Preis, Zins und Dividende wieder. Die verwendeten Vergleichswerte beruhen auf in Probeläufen gewonnene Erfahrungen. Der Quotient befindet sich i.d.R. innerhalb des von den Werten definierten Intervalls. Die Ränder werden jeweils nur mit einer Wahrscheinlichkeit von unter 0.01 erreicht. Die Bits 7-10 enthalten sogenannte technische Daten. Sie signalisieren das eventuelle Vorliegen von Preistrends. Die letzten beiden Bits dienen zur Überwachung und Auswertung der Simulation.

Der Vorhersageteil eines Zustand-Vorhersage-Paares besteht aus einem Vektor mit drei reellwertigen Komponenten a , b , und σ^2 . a und b werden verwendet, um die Hypothese über die erwarteten Rückflüsse zu bilden.

$$\tilde{E}_{j,t}(p_{t+1} + d_{t+1}|I_t) = a(p_t + d_t) + b. \quad (2.5)$$

σ^2 stellt die spezifische Varianz einer Hypothese dar.

Neben der Auswahl der geeignetsten Hypothese ist die Ersetzung von Regeln mit niedriger Vorhersagekraft durch neu zu bildende Paare ein weiterer Teil des Lernprozesses der Agenten (Evolution). In bestimmten Zeitabständen (GA-periode) ruft das Klassifizierersystem einen genetischen Algorithmus (GA) auf, um mittels Crossover und Mutation neue Regeln zu bilden. Die schlechtesten 20 Prozent (d.h. die 20% mit der geringsten Vorhersagekraft) werden dabei ausselektiert und durch neue ersetzt. Zur Bestimmung der Vorhersagekraft wird unter anderem die für jede Hypothese mitgeführte Vorhersagegenauigkeit e^2 verwendet. Diese wird in jedem Zeitschritt, in dem eine Hypothese aktiviert ist (d.h. der Marktzustand mit dem Zustandsteil der Regel übereinstimmt), gemäss

$$e_{i,j,t}^2 = (1 - \Theta)e_{i,j,t-1}^2 + \Theta((p_{t+1} + d_{t+1}) - \tilde{E}_{i,j,t}(p_{t+1} + d_{t+1}))^2 \quad (2.6)$$

aktualisiert. Wobei Θ festlegt wie stark der Einfluss vergangener Werte für e^2 ist, bzw. inwiefern die Agenten ihre Umgebung als statisch oder dynamisch ansehen.

Für den aus Bitstrings bestehend Zustandsteil sind die anstehenden Operationen gängig und einfach. Von jeweils zwei Eltern werden zufällig Bits ausgewählt und damit Stelle für Stelle eines neuen Strings gefüllt (Uniform Crossover). Zufälliges flippen einzelner Bits sorgt für eine weiterführende Veränderung der neu entstandenen Zustandsteile (Mutation).

Im Vorhersageteil wird zunächst für alle Zustands-Vorhersage-Paare die spezifische Varianz durch die aktuelle Vorhersagegenauigkeit ersetzt. Danach wird eine Art Crossover durchgeführt³. Dies kann auf drei unterschiedene Weisen geschehen, wovon eine zufällig ausgewählt wird. (i.) alle Parameter werden von einem einzigen Elternteil genommen. (ii.) es wird zufällig der Parameter eines Elternteils übernommen. (iii.) unter Verwendung der Güte der Elternteile werden die neuen Parameter als gewichtetes Mittel der Werte der Eltern gebildet.

Präferenzen und Marktmechanismus

Es wird wieder der oben angesprochene Modellrahmen verwendet, d.h. es gibt einen risikofreien Bond und ein riskantes Wertpapier, wovon N Stück [25] im Umlauf sind. Die Dividende des Wertpapiers wird durch einen stochastischen Prozess beschrieben.

$$d_t = \bar{d} + \rho(d_{t-1} - \bar{d}) + \varepsilon_t \quad (2.7)$$

Wobei ε_t unabhängig, identisch normalverteilt ist. Die Agenten verfügen über eine CARA-Nutzenfunktion⁴ der Form:

$$U(\tilde{E}_{i,t}(C_{i,t+1})) = \tilde{E}_{i,t}(-e^{-\gamma C_{i,t+1}}). \quad (2.8)$$

³Operationen auf reellwertigen Komponenten sind ungewöhnlich, bisher gibt es hierüber innerhalb der GA-community kaum Erfahrungen.

⁴CARA: Constant Absolute RiskAversion. Eine solche Nutzenfunktion verfügt über ein konstantes Arrow-Pratt-Maß, welches das Ausmaß der Risikoaversion anzeigt[Tes02c].

$\tilde{E}_{i,t}$ stellt Agent i's beste Hypothese zum Zeitpunkt dar. $C_{i,t+1}$ ist die Ausstattung eines Agenten zum Zeitpunkt $t+1$.

$$C_{i,t+1} = x_{i,t}(p_{t+1} + d_{t+1}) + (1+r)(C_{i,t} - p_t x_{i,t}). \quad (2.9)$$

Hierbei geht der Wertpapierpreis p_t und die individuellen Nachfrage nach Wertpapieranteilen $x_{i,t}$ von Agent i ein. Unter der Annahmen, dass die erwarteten Rückflüsse normalverteilt sind, folgt aus der Nutzenmaximierung für die individuelle Marktnachfrage nach Wertpapieranteilen ⁵

$$x_{i,t} = \frac{\tilde{E}_{i,t}(p_{t+1} + d_{t+1}) - p_t(1+r)}{\gamma\sigma_{t,i,p+d}^2}. \quad (2.10)$$

Wobei $\sigma_{t,i,p+d}^2$ die Varianz der gewählten Hypothese $\tilde{E}_{i,t}$ ist. Die Gleichgewichtsbedingung Bestand (Angebot) gleich Gesamtnachfrage liefert

$$N = \sum_{i=1}^N x_{i,t}. \quad (2.11)$$

Damit ist das Modell geschlossen. Aus (2.10) und (2.11) lässt sich der markträumende Wertpapierpreis p_t ermitteln. Für diesen letzten Schritt lässt sich das bekannte Bild des Walrasianischen Auktionators, der für einen Ausgleich zwischen Angebot und Nachfrage sorgt, bemühen.

2.6.2 Resultate

An dieser Stelle werden lediglich einige der Resultate des SFASM angerissen, für eine umfangreichere und ausführliche Darstellung sei auf Arthur et al., bzw. LeBaron et al. oder Joshi verwiesen [Art97], [LeB99], [Jos99]. Grundsätzlich gilt, dass alle Resultate des SFASM nicht analytisch, sondern durch Simulation gewonnen sind.

Der SFASM reproduziert einerseits die Ergebnisse der klassischen Modelle, andererseits ist er in der Lage Erklärungen für in der klassischen Theorie ausgeschlossene, aber empirisch zu beobachtende Phänomene wie Preisblasen und -einbrüche zu liefern. Damit integriert er die beiden in der Einleitung zitierten Sichtweisen von akademischen Theoretikern einer- und Praktikern andererseits.

In Arthur et al. wird das Auftreten von zwei verschiedenen Regimen beschrieben. Diese unterscheiden sich auf der Seite der Modelleinstellungen lediglich in einem einzigem Parameter, weisen aber gleichzeitig stark unterschiedliches Verhalten auf. Der kritische, die beiden Regime von einander trennende Parameter ist die GA-periode, die festlegt wie häufig das Klassifizierungssystem neue Zustands-Vorhersage-Paare bildet. Im sogenannten 'rationalen Regime', in dem die GA-periode vergleichsweise groß ist [1000], zeigt sich eine Konvergenz zum rationalen Erwartungsgleichgewicht der klassischen Theorie. Wird der GA häufiger aufgerufen [250] entwickelt sich das sogenannte 'komplexe Regime', in dem neben zeitweiser Übereinstimmung mit der klassischen Theorie, die oben erwähnten Phänomene auftreten.

Abbildung 1 zeigt einen Ausschnitt der Preisverläufe für das komplexe Regime, eine theoretisch ermittelte Kurve für das rationale Erwartungsgleichgewicht⁶ und die Differenz zwischen

⁵Dies gilt nur für den Fall des sogenannten rationalen Regimes. Ansonsten wird zwar die Nachfrage nach obiger Beziehung bestimmt, diese ist dann aber nur noch näherungsweise nutzenmaximal [LeB99, S. 1491].

⁶Diese lässt sich anhand der Parameter ermitteln. Im rationalen Regime liegt Konvergenz zu dieser Lösung vor [Art97, s. Appendix A].

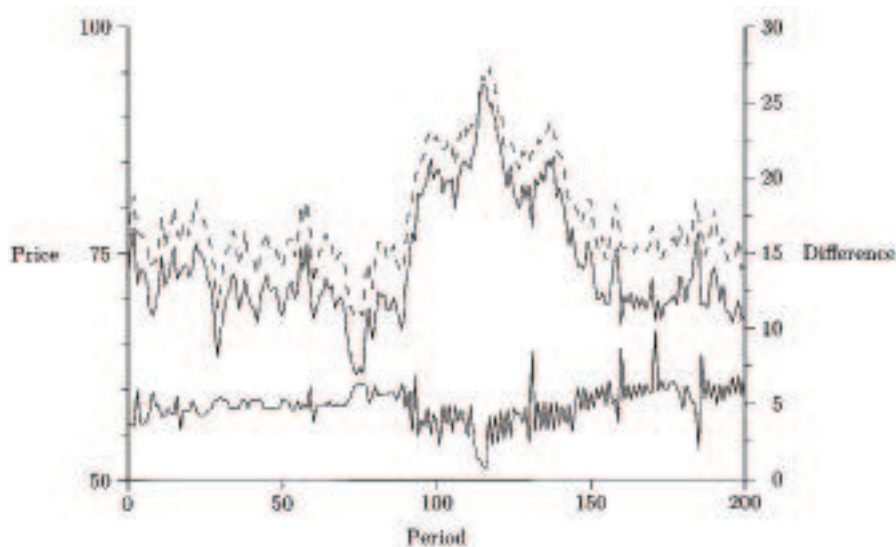


Abbildung 2.1: Preiskurven. Anfangsperiode = 250 000, durchgezogene (mittlere) Linie = Preis im komplexen Regime, gestrichelte (obere) Linie = theoretisches rat. GG, untere Linie = Differenz (entnommen aus [LeB99, S. 1500]).

den beiden. Der Ausschnitt zeigt den Verlauf nach 250 000 Perioden, womit sichergestellt ist, dass das protokollierte Verhalten kein Anfangsartefakt darstellt, sondern eine typische Dynamik des SFASM wiedergibt.

Zunächst fällt auf, dass der Preis im komplexen Regime überall deutlich unter dem des rationalen Erwartungsgleichgewicht liegt. Dies lässt sich durch das fortwährende Lernen, das ständige Erproben neuer Zustands-Vorhersage-Paare im komplexen Regime erklären. In der Differenzkurve wird außerdem das Auftreten von Preisblasen und -zusammenbrüchen deutlich sichtbar. Diese Phänomene sind auf ein temporäres Zusammenspiel von Hypothesen zurückzuführen, die Veränderung der Rückflüsse in eine bestimmte Richtung vorhersagen und damit den Preis beeinflussen. Treten solche einheitlichen Hypothesen in einer kritischen Dichte auf, wirken sie selbsterfüllend und treiben den Preis in die von ihnen implizierte Richtung. Nach einer gewissen Zeit brechen die Trends wieder ein, da der Marktzustand die Anwendung anderer Zustands-Vorhersage-Regeln erzwingt.

Ein weiteres Resultat des SFASM ist, dass die Agenten ihre Hypothesen lediglich aufgrund tatsächlich wertvoller Information bilden. Dies lässt sich anhand obiger Modellbeschreibung nicht nachvollziehen, sei hier aber dennoch erwähnt. Informationsselektion findet im Zusammenhang mit der Evolution der Zustands-Vorhersage-Regeln statt. So kommt es im rationalen Regime Ignorieren der technischen Daten (Zustandsbits 7-10), d.h. im Laufe der Regelevolution werden die Bits 7-10 überwiegend mit # gefüllt [Art97, S. 29ff].

2.7 Zusammenfassende Diskussion

Im vierten Abschnitt werden deutlich die Grenzen des auf der Annahme homogener Erwartungen beruhenden deduktiven Ansatzes aufgezeigt. Die Frage nach dem Wesen der Erwartungen bezüglich zukünftiger Rückflüsse, ob diese als homogen oder heterogen anzunehmen seien, wurde bisher nicht gestellt. Intuitiv neigt mensch wohl dazu, diese als heterogen anzunehmen. Begründen lässt sich dies beispielsweise mit unterschiedlichen Bewertungen von Informationen durch verschiedene Anleger aufgrund von unterschiedlichen Einstellungen oder Einschränkungen.

gen in ihren kognitiven Fähigkeiten [Art97, S. 20]. Tatsächlich scheint umgekehrt die Annahme homogener Erwartungen im Kontext von Wertpapiermärkten schon schwerer begründen. Kruschwitz verweist zu deren Rechtfertigung bei der Vorstellung des Capital Asset Pricing Models (CAPM) beispielsweise lediglich auf zwei Bedingungen unter denen Homogenität der Erwartungen *möglich* sei. Die beiden Bedingungen die er benennt, sind schnelle Informationsausbreitung und annähernd gleiche intellektuelle Fähigkeiten der Marktteilnehmer [Kru99, S. 162].

Trotz dieser Schwäche haben es die klassischen Modelle vermocht grundlegende Einsichten in das Marktgeschehen zu vermitteln. Das Bestreben die Modelle im Rahmen analytischer Lösbarkeit zu belassen, hat sicherlicher auch seinen Teil zum Design der Modelle beigetragen und insofern ist das Entstehen neuer Ansätze auch in diesem Bereich ein Stück weit im Zusammenhang mit der Weiterentwicklung von Simulationstechniken und -tools zu sehen. Der SFASM ist nur ein, obgleich frühes und sehr einflussreiches, Beispiel aus einer ganzen Reihe von Arbeiten im zur Zeit sehr aktiven Gebiet der Agentbased Computational Economics (ACE) ⁷.

Modelle wie der SFASM bieten die Möglichkeit verschiedene Fragestellungen in den Finanzwissenschaften, wie beispielsweise die Auswirkungen einer Transaktionssteuer, von Informationsasymmetrie oder verschiedener Marktmechanismen in einem überschaubaren Rahmen zu untersuchen [Art97, S. 41]. Wenngleich LeBaron im speziellen Fall des SFASM Schwierigkeiten bei der Analyse der Resultate, aufgrund der hohen Komplexität erwähnt [LeB00, S. 693].

Inwiefern die Ergebnisse von der Auswahl der Methoden, etwa Verwendung eines Klassifiziersystems zur Repräsentation der Lernprozesse beeinflusst sind, entzieht sich der Kenntnis des Autors. Dies gilt auch für eine ganze Reihe anderer Fragen bezüglich des Aufbaus und getroffener Designentscheidungen im SFASM. Beispielsweise die schon erwähnte Repräsentation des Lernprozesses, hierfür wäre auch ein künstliches neuronales Netz denkbar, unterschiedliche Lernansätze, individuelles vs. soziales Lernen (warum sollten Anleger nicht das Verhalten anderer, erfolgreicher Anleger nachahmen können) oder Fragen die sich im Zusammenhang mit Zeithorizonten der Agenten ergeben. Zu letzterem gibt es einen Arbeit von LeBaron, in der ein Modell verwendet wird, das dem SFASM in Teilen sehr ähnelt [LeB01].

⁷Einen ersten Überblick über dieses relativ junge Gebiet liefert ein Artikel von Leigh Tesfatsion [Tes02a]. Ähnliches bietet ein Artikel von LeBaron für den Bereich Finanzmarktmodellierung [LeB00].

Literaturverzeichnis

- [Art94] Arthur, W.B.. Complexity in Economic and Financial Markets *Complexity* 1:20-25, 1995
- [Art97] Arthur,W.B., Holland,J., LeBaron,B., Palmer,R.,Tayler,P.. Asset pricing under endogenous expectations in an artificial stock market. In: Arthur,W.B., Durlauf,S., Lane, D. (Hrsg), The Economy as an Evolving Complex System II. Addison-Wesley, pp. 15-44, 1997
- [DuG88] Diba,B.T. und Grossman,H.I.. The Theory of Rational Bubbles in Stock Prices. *Economic Journal* 98: 764-754, 1988
- [Hol75] Holland,J.H.. Adaptation in Natural and Artificial Systems. University of Michigan Press, 1975
- [Hol86] Holland,J.H., Holyoak,K.J., Nisbett,R.E., Thagard,P.R. Induction. MIT Press, 1986
- [Jos99] Joshi, S., Bedau, M.A.. An Explanation of Generic Behavior in an Evolving Financial Market
- [Kru99] Kruschwitz,L.. Finanzierung und Investition. R. Oldenbourg Verlag, 1999
- [LeB99] LeBaron,B., Arthur,W.B., Palmer, R.. Time series properties of an artificial stock market. *Journal of Economic Dynamics & Control* 23: 1487-1516, 1999
- [LeB00] LeBaron,B.. Agent-based computational finance: Suggested readings and early research. *Journal of Economic Dynamics & Control* 24: 679-702, 2000
- [LeB01] LeBaron,B.. Evolution and time horizons in an agent-based stock market. *Macroeconomic Dynamics* 5: 225-254, 2001
- [Luc78] Lucas,R.E.. Asset Prices in an Exchange Economy. *Econometrica* 46: 1429-1445, 1978
- [Tes02a] Tesfatsion,L.. Agent-Based Computational Economics: Growing Economies from the Bottom Up. ISU Economics Working Paper No.1 , 2002
- [Tes02b] Tesfatsion,L.. Information, Bubbles, and the Efficient Markets Hypothesis. <<http://www.econ.iastate.edu/classes/econ308x/tesfatsion/emarketh.htm>>, Department of Economics, ISU. 2002. (25.9.2002).
- [Tes02c] Tesfatsion,L.. Notes on the Santa Fe Artificial Stock Market Model. <<http://www.econ.iastate.edu/classes/econ308x/tesfatsion/sfistock.htm>>, Department of Economics, ISU. 2002. (25.9.2002).

[Var93] Varian,H.R.. Intermediate Microeconomics. W.W.Norton & Company, Third edition, 1993

Kapitel 3

Die Suche nach einem universellen Komplexitätsmaß

Harold Fellermann

Oktober 2002

3.1 Einleitung

Die Beschreibung wissenschaftlicher Untersuchungsgegenstände als komplexe Systeme (complex adaptive systems, CAS) erfreut sich in zahlreichen realwissenschaftlichen Disziplinen zunehmender Beliebtheit. Beispiele dieses Ansatzes erstrecken sich von klassischen Naturwissenschaften (Physik, Chemie und Biologie) über die Humanwissenschaften (Medizin, Psychologie, Kognitionswissenschaft) bis in die Sozialwissenschaften (Soziologie, Politologie, Ökonomie). Darüberhinaus finden Konzepte der CAS Anwendung in Technik und Management. Der neuen Betrachtungsweise der Welt als komplex wird dabei häufig ein paradigmatischer Stellenwert zugesprochen – Erica Jen spricht gar von einer „Weltanschauung Komplexität“¹.

Anlässlich dieser Hochkonjunktur scheint ein gesundes Maß an Skepsis sicherlich angebracht: zeugen Aussagen wie „complexity is everywhere“ vielleicht nur von einer zu undifferenzierten Verwendung des Begriffes und der damit verbundenen Konzepte? Denn trotz angestrebter Bemühungen besteht über die Verwendung des Wortes ‚Komplexität‘ keine Einigkeit: Eine präzise Definition der Art „*Wir nennen ein System komplex genau dann, wenn es diesen und jenen Kriterien genügt*“ steht bis dato aus. Stattdessen verweisen viele Wissenschaftler auf ein loses Sammelsurium mehr oder minder charakteristischer Eigenschaften und Standardbeispiele komplexer Systeme und bemühen die Intuition. Daß ein Komplexitätsbegriff, der rein auf der Intuition fußt, nur eine unbefriedigende Basis für weitere wissenschaftliche Arbeit ist, steht außer Frage. Dies motiviert die Suche nach einem allgemeinen Komplexitätsmaß. So schreibt etwa Peter Grassberger: „Confronted with situations that intuitively are judged as ‚complex‘, one of the first reactions should be to quantify this judgement by defining an observable.“ ([Gra86] S. 908). Entsprechend wurde die Suche nach einem universellen Komplexitätsmaß bereits in den Anfängen der Komplexitätswissenschaft zum Forschungsziel erklärt. Heute können wir eine Fülle konkurrierender Maßvorschläge verzeichnen. Seth Lloyd – ein ambitionierter Sammler unterschiedlicher Komplexitätsmaße – listet beispielsweise über 50 verschiedene Ansätze auf, Komplexität zu quantifizieren[Llo].

¹zitiert nach [Chr96] S. 44

In diesem Aufsatz möchte ich exemplarisch einige der wichtigsten Komplexitätsmaße vorstellen. Untersucht werden v. a. die Implikationen der Maße auf den zugrundeliegenden Komplexitätsbegriff – die praktische Handhabbarkeit der Maße wird nicht behandelt (Der Leser konsultiere hierzu [KS97], [New98] oder [Wac95]). Die daran anschließende Diskussion wird grundlegende Probleme, die bei der Suche eines universellen Komplexitätsmaßes auftauchen vertiefen und einen Vorschlag machen, mit der erschlagenden Vielzahl vorhandener Maße umzugehen.

3.1.1 Motivation: wozu eine Formalisierung?

Wozu dient überhaupt die angestrebte Formalisierung? Was gewinnt man durch eine formale Definition eines Maßes verglichen mit einer einfachen verbalen Beschreibung von Komplexität und damit verbundener Phänomene?

Die Wissenschaftstheorie versteht unter einem Maß eine *homomorphe Abbildung h eines empirischen Relativs e auf ein numerisches Relativ r_n* – einem wahrnehmbaren Sachverhalt wird also eine Zahl zugeordnet. Je nachdem welchen Forderungen h genügt, läßt sich das Maß in eine von vier Klassen einteilen:

- **Klassifikatorisch** werden Maße genannt, die ihre Beschreibungsgegenstände in Klassen einteilen – zwischen den r_n ist lediglich eine Gleichheitsrelation definiert.
- Ist zwischen den r_n sogar eine \leq -Relation definiert (z. B. Schulnoten) spricht man von einem **ordinalen** Maß – Untersuchungsgegenstände lassen sich bezüglich h anordnen.
- **Intervall-skaliert** heißen Maße h_1, h_2 wenn Verhältnisse von Intervallen miteinander verglichen werden können: $\frac{h_1(e_1)-h_1(e_2)}{h_1(e_3)-h_1(e_4)} = \frac{h_2(e_1)-h_2(e_2)}{h_2(e_3)-h_2(e_4)}$. Typische Beispiele intervall-skallierter Maße sind Temperatur-Maße.
- Existiert für ein intervall-skaliertes Maß h zusätzlich ein natürlicher Nullpunkt, so ist h **ratio-skaliert** (z. B. Größe, Gewicht). Verhältnisse von Größen lassen sich direkt vergleichen: $\frac{h_1(e_1)}{h_1(e_2)} = \frac{h_2(e_1)}{h_2(e_2)}$

Unter diesem Gesichtspunkt entpuppt sich eine präzise verbale Definition der Art „ X wird das Prädikat p zugesprochen, wenn es über die Eigenschaften E verfügt“ bereits als klassifikatorisches Maß über zwei Klassen. In vielen Fällen wäre damit schon geholfen: Eine eindeutige Definition erspart unnötige und oftmals ermüdende Mißverständnisse² und erhöht die Akzeptanz des Konzeptes in anderen Wissenschaften: „If complexity could be consistently measured, its place among physical concepts could hardly be disputed.“³

Doch natürlich sind mit der Quantifizierung von Komplexität weit größere Erwartungen verbunden: So dient ein einmal gefundenes Komplexitätsmaß als Ausgangspunkt weiterer wissenschaftlicher Arbeiten. Hehre Hoffnung ist dabei das Auffinden bisher unbekannter allgemeiner Prinzipien komplexer Systeme⁴. Dabei kann um so mehr gefolgert werden, je restriktiver die

²Dieses Argument ist nicht zu unterschätzen: wie vieldeutig und mißverständlich das Wort ‚Komplexität‘ ist, wird Abschnitt 3.1.2 verdeutlichen.

³so Luca Peliti zitiert nach [Chr96] S. 16

⁴Daß solche Prinzipien existieren, untermauern zahlreiche Untersuchungen der vergangenen Jahre. Vielzitiertes Paradebeispiel eines solch universellen Prinzips ist die *Selbstorganisierte Kritikalität* (SOC), die von P. Bak, Ch. Tang und K. Wiesenfeld untersucht wurde.

Forderungen an das zugrundegelegte Komplexitätsmaß sind – gesucht ist also idealerweise ein ratio-skaliertes Maß.

Desweiteren beschäftigt sich die Wissenschaft heute mit zahlreichen Fragestellungen, deren Antwort unweigerlich eine Quantifizierung von Komplexität voraussetzen. Etwa die seit Jahrzehnten in der Evolutionstheorie diskutierte Frage, ob die Komplexität von Organismen im Laufe der Evolution (zwangsläufig) zunimmt, kann ohne ein (zumindest ordinales) Maß für Komplexität gar nicht beantwortet werden.

Die Suche nach einem universellen Komplexitätsmaß ist aber keineswegs eine Angelegenheit für den „Elfenbeinturm“ – im Gegenteil: eine „Entmystifizierung“ des heute (mitunter durch Popularisierung) überladenen Komplexitätsbegriffs mittels einer formalen Definition kann die pragmatische Handhabung komplexer Systeme entscheidend vereinfachen. Dies ist besonders in Hinblick auf Modellierung und Management komplexer Systeme von Interesse: *„Wie komplex muß mein Modell sein, um ein vorgefundenes Verhalten zu simulieren? Welchen Einfluß hat jene Maßnahme auf die Komplexität meines Systems?“* – Fragen wie diese setzen eine präzise quantifizierte Definition der Komplexität gleichsam voraus.

Ziel ist demnach, einen der Intuition entlehnten Begriff (durch Formalisierung über ein Maß) zu konkretisieren und aus der derart präzisierten Beschreibung ‚neue Regeln‘ abzuleiten. Dieser Prozeß findet in der Wissenschaftsgeschichte zahlreiche Vorläufer. Als Beispiel betrachte man die Formalisierung des Wärmebegriffs.

Zunächst war ‚Wärme‘ ausschließlich ein vager Begriff der Alltagssprache, der sich der physikalischen Betrachtung verwehrt: Versuche von Lavoisier u. a., der Wärme Stofflichkeit (sog. Kalorikum) zuzuschreiben, scheiterten an experimentellen Befunden. Die wissenschaftliche Definition der Wärme gelang zwischen 1840 und 1850 durch J. R. Mayer und J. P. Poulenc. Diese definierten die Wärme als eine in Körpern gespeicherte Energieform⁵ (damals noch in Kalorien), messbar über die Temperatur des Körpers (in Kelvin). Die systematische Untersuchung dieses (nicht mechanistischen) Wärmebegriffs führte mit der Einführung des Entropiebegriffs in den Hauptsätzen der Thermodynamik zu Erkenntnissen, die das Selbstverständnis der Naturwissenschaft umwälzten. Die Entwicklung der Wärmetheorie im ausgehenden 19. Jahrhundert hatte aber auch sehr pragmatische Konsequenzen – etwa die Wirkungsgrad-Optimierung von Kraftmaschinen.

3.1.2 Begriffsbestimmung: was heißt ‚komplex‘?

scientist: „Complexity is what we do not understand.“

colleagues; „You don’t understand complexity!“

Diese Sentenz macht die Probleme deutlich, die mit einer Präzisierung des Wortes ‚komplex‘ (wörtl. ‚verflochten‘) verbunden sind. In der Alltagssprache verwenden wir es gemeinhin, um unserem Unwissen über etwas Ausdruck zu verleihen: komplex ist, was wir nicht verstehen. So verwendet ist der Begriff ein Synonym zu ‚kompliziert‘. Natürlich kann unser Unverständnis verschiedene Ursachen haben – Wissensmangel, methodische Beschränkungen, etc. – häufig ist der Grund unseres Unverständnisses aber fundamentaler: wir wissen nicht, ob und wie wir das betreffende System reduzieren können; es verwehrt sich der Vereinfachung; bleibt vielschichtig. Auf diese Schwierigkeit referriert ‚komplex‘ im wissenschaftliche Kontext. In einem

⁵Die reduktionistische Definition der Wärme als mittlere Teilchengeschwindigkeit wurde erst später in der *mechanischen* Wärmelehre eingeführt.

richtungsweisenden Aufsatz von 1948 beschreibt Warren Weaver (ein Mitbegründer der Informationstheorie) diese Systeme folgendermaßen:

„The really important characteristic of the problems of this middle region, which science has as yet little explored or conquered, lies in the fact that these problems, as contrasted with the disorganized situations with which statistics can cope, show the essential feature of organization. In fact, one can refer to this group of problems as those of *organized complexity*.“ [Wea48]

Kennzeichnend für komplexe Systeme ist damit ihr emergenter (nach Weaver „organisierter“) Charakter. Emergenz bezeichnet hier irreduzible Strukturen, Muster und Regelmäßigkeiten der Makroebene, die sich aus dem Zusammenspiel von Teilen der Mikroebene ergeben⁶. Diese Irreduzibilität wurde in den vergangenen Jahrzehnten mit mehreren Eigenschaften komplexer Systeme assoziiert⁷:

Typischerweise bestehen diese aus zahlreichen Komponenten und verfügen damit über relativ viele Freiheitsgrade. Wechselwirkungen zwischen den Komponenten ordnen die Systeme zu vielschichtigen Organisationsstrukturen, wie etwa Hierarchien oder Netzwerken.

Die Wirkzusammenhänge zwischen den Systemkomponenten sind im allgemeinen nichtlinear. Daher weisen komplexe Systeme das variable und facettenreiche Verhalten auf, das man aus der Untersuchung nichtlinearer Systeme gewohnt ist – insbesondere Phasenübergänge und eine unvorhersagbare (chaotische) Dynamik. Allerdings zeigen komplexe Systeme auch Verhaltensweisen, die in der nichtlinearen Dynamik unbekannt sind. Erwähnt sei in diesem Zusammenhang die Möglichkeit der Pfadabhängigkeit, auf die in Abschnitt 3.3.1 noch eingegangen wird. Komplexe Systeme sind typischerweise offen gegenüber ihrer Umgebung – sie sind fern vom thermodynamischen Gleichgewicht (und dissipativ). So sind sie in der Lage zu selbstorganisierter Strukturbildung durch Kooperation der Systemkomponenten, zu Adaption und Evolution. Dies ermöglicht komplexen Systemen u. a. Informationen zu verarbeiten oder zu lernen⁸.

Mit der Suche nach universellen Komplexitätsmaßen wird nun versucht, „auf der Ebene des Gesamtsystems neue Konzepte zu entwickeln, welche die Vielfalt der auftretenden [emergenten] Strukturen, Dynamiken und Funktionen klassifizieren und quantifizieren.“ ([Wac95] S. 22). Die Definition eines Maßes muß demnach Komplexität formal auf einige der oben genannten Eigenschaften zurückführen. Welche dieser Eigenschaften dazu jedoch notwendig oder hinreichend sind, ist bisher ungeklärt.

3.1.3 die Notwendigkeit eines neuen Maßes

Identifiziert man Komplexität – wie im vorangehenden Abschnitt angedeutet – mit Strukturiertheit, bzw. Ordnung, so stellt sich die Frage, warum überhaupt ein neues Maß zu ihrer Quantifizierung notwendig ist. Halten wir mit der bereits angesprochenen Entropie nicht bereits ein Maß für die Unordnung, und damit auch die Ordnung eines Systems in den Händen?

⁶Die verschiedenen Emergenzbegriffe sowie die verwickelte Position der Komplexitätswissenschaft innerhalb der Reduktionismus-Emergenz-Diskussion wird sehr gründlich in [Chr96] untersucht und deshalb an dieser Stelle nicht weitert vertieft.

⁷Die Darstellung orientiert sich v. a. an [Chr96], [Rät97], [Wac95].

⁸Der Liste scheint keine obere Grenze gesetzt: inwieweit sich Prädikate wie ‚Leben‘ oder ‚Intelligenz‘ aus den strukturellen Eigenschaften komplexer Systeme ergeben, ist Gegenstand zahlreicher wissenschaftlicher Debatten – zumindest gelten lebende und intelligente Systeme unbestritten als komplex.

Entropie wurde 1866 von L. Boltzmann als Unordnung eines thermodynamischen Systems definiert: sie ist um so größer, je mehr mögliche Quantenzustände ein System einnehmen kann. 1949 wurde die Boltzmann-Entropie von C. Shannon zur Definition der *Informationsmenge* einer Nachricht herangezogen. Da die beiden Größen (bis auf einen Vorfaktor) übereinstimmen, die Information jedoch allgemeiner ist, sei als mögliches Komplexitätsmaß hier letztere diskutiert⁹.

Die Information einer Nachricht ist nach Shannon gegeben durch die Anzahl nötiger diadischer (ja/nein-) Entscheidungen, um sie von allen anderen möglichen Nachrichten unterscheiden zu können. Die Nachricht wird dargestellt als Zeichenkette x über dem Alphabet Σ . Die in x enthaltene Information ist dann definiert über den relativen Häufigkeiten p_i der Zeichen i durch

$$I = - \sum_i p_i \log p_i \in [0, 1] \quad (\text{Einheit bit})$$

Damit bemißt sie die Ungewißheit, die durch den Erhalt der Nachricht behoben wird: je ähnlicher die relativen Häufigkeiten p_i sind, um so größer ist die erhaltene Information. Anders formuliert: die Information ist maximal für stochastisch gleichverteilte (zufällige) Daten – also maximale Unordnung im Sinne Boltzmanns.

Dies widerspricht unserer intuitiven Vorstellung von Strukturiertheit – siedelt man diese doch eher *zwischen Ordnung und Zufall* an: zeigt ein Fernseher lediglich weißes Rauschen, nennen wir sein Bild nicht komplexer als das einer schwarzen Mattscheibe. Daraus ergibt sich gleichsam eine Minimalforderung an das gesuchte Komplexitätsmaß: „Effective complexity can be high only a region intermediate between total order and complete disorder.“ ([Gel95]). Daß es sich dabei tatsächlich nur um eine Minimalforderung handelt, betonen Crutchfield et al.:

„a usefull role for statistical complexity measures is to capture the structures – patterns, organizations, regularities, symmetries – intrinsic to a process. [...] defining such measures solely in terms of the one-hump criterion – say by multiplying ‚disorder‘ by ‚one minus order‘ is insufficient to this task.“ ([CFS99])

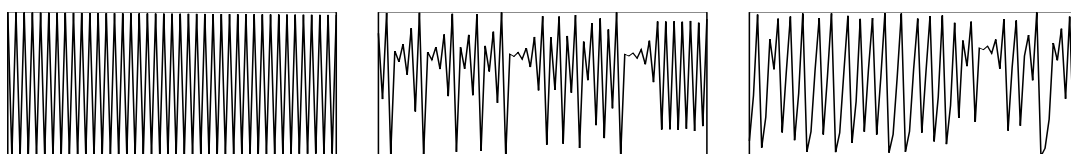


Abbildung 3.1: Daten der logistischen Abbildung $x_{n+1} = rx_n(1 - x_n)$ für periodisches ($r = 3.0$), „komplexes“ ($r = 3.678$) und stochastisches ($r = 4.0$) Verhalten.

Es sei bereits darauf hingewiesen, daß einige der vorgestellten Komplexitätsmaße diese Minimalforderung verletzen. In der Literatur wird daher häufig eine Einteilung der Maße in zwei Klassen gefordert: *deterministische Komplexität* (nach [Wac95]) oder *Komplexität erster Art* (nach [New98]) ist maximal für zufällige, regellose Daten oder Strukturen, wohingegen die *stochastische Komplexität* bzw. *Komplexität zweiter Art* für Rauschen minimal ist. Manchmal wird in diesem Zusammenhang auch die „Schwierigkeit, Daten zu reproduzieren“ von der „Schwierigkeit, Daten zu beschreiben“ unterschieden – die Ausdrücke werden allerdings nicht immer einheitlich verwendet.

⁹Zum Verhältnis von Entropie und Information siehe [Fl84] S. 120ff

3.2 Vorschläge für Komplexitätsmaße

3.2.1 Maße der Informationstheorie und symbolischen Dynamik

Die Informationstheorie beschreibt die interne Struktur von Zeichenketten bzw. Datenreihen aufgrund statistischer Größen (Zustands- und Übergangswahrscheinlichkeiten). Interpretiert man die untersuchten Daten als „Spur“ eines zugrundeliegenden deterministischen¹⁰ (normalerweise von Rauschen überlagerten) Prozesses, trifft sich die Informationstheorie mit der mathematischen Theorie dynamischer Systeme. Dort wird ein System üblicherweise durch Differentialgleichungen gegeben, deren Lösungskurven im Zustandsraum des Systems man untersucht. Eine zeitliche wie räumliche Diskretisierung (Partitionierung) der Methoden führt zur symbolischen Dynamik, die sich auf Datenreihen anwenden läßt.

Viele Maßvorschläge der symbolischen Dynamik setzen auf der **Rényi-Information**, einer Verallgemeinerung der Shannon-Information, auf. Analog zur Shannon-Information beschreibt sie die „Überraschungsmomente“ der Systemdynamik (und verletzt wie diese die genannte Minimalforderung).

RÉNYI-INFORMATION

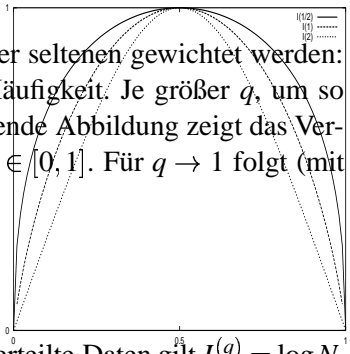
Sei x eine Datenreihe, \mathcal{P} eine Partition des Zustandsraumes in N Zellen. Seien weiter p_i die relativen Häufigkeiten der Systemzustände $i \in \mathcal{P}$. Die verallgemeinerte Information bzw. Rényi-Information ist dann definiert durch

$$I^{(q)} = \frac{1}{1-q} \sum_i \log p_i^q$$

Der Parameter q bestimmt, wie stark häufige Zustände gegenüber seltenen gewichtet werden: $q = 0$ bewertet alle Systemzustände gleich, ungeachtet ihrer Häufigkeit. Je größer q , um so weniger werden seltene Zustände berücksichtigt. Die nebenstehende Abbildung zeigt das Verhalten von $I^{(1/2)}$, $I^{(1)}$ und $I^{(2)}$ für einen Bernoulli-Prozeß mit $p \in [0, 1]$. Für $q \rightarrow 1$ folgt (mit der Regel von de l'Hôpital) die Shannon-Information

$$I^{(1)} = - \sum_i p_i \log p_i$$

Für p -periodische Daten ist $I^{(q)} = \log p$, für stochastisch gleichverteilte Daten gilt $I^{(q)} = \log N$.



Ein Nachteil der Rényi-Information ist ihre Abhängigkeit von der gewählten Partitionierung des Meßintervalls in einzelne Zustände: je nachdem, in welche Klassen man die zu untersuchenden Meßwerte einteilt, ergibt sich eine unterschiedliche Information. Um dieses offensichtliche Manko zu beheben, kann man betrachten, wie die Rényi-Information mit einer Auflösung der Partitionierung skaliert. So erhält man ein Maß, welches heute zur Quantifizierung von Komplexität herangezogen wird – der sogenannten **Rényi-Dimension**.

Rényi-Information und Rényi-Dimension arbeiten über der relativen Häufigkeitsverteilung einzelner Systemzustände. Die in den Daten enthaltene zeitliche Struktur wird dabei völlig außer

¹⁰deterministisch bedeutet hier, daß die Systementwicklung eindeutig durch die Gleichungen und den aktuellen Zustand des Systems festgelegt sind.

RÉNYI-DIMENSIONEN

Sei x eine Datenreihe, \mathcal{P}_ε eine Folge von Partitionen des Zustandsraumes. Die verallgemeinerten Dimensionen bzw. Rényi-Dimensionen q -ter Ordnung sind dann definiert durch:

$$D^{(q)} = \lim_{\varepsilon \rightarrow 0} \frac{I_\varepsilon^{(q)}}{\log \varepsilon}$$

Sie beschreiben das Skalierungsverhalten von $I_\varepsilon^{(q)}$ für $\varepsilon \rightarrow 0$.

$D^{(0)}$ nennt man die *Kapazität* oder *fraktale Dimension*, $D^{(1)}$ ist die *Informationsdimension* und $D^{(2)}$ heißt *Korrelationsdimension*.

Für p -periodisches Verhalten ist $D^{(q)} = 0$, für eine rein stochastische Dynamik ist $D^{(q)} = 1$

acht gelassen. So besitzen etwa die in Abbildung 3.2 dargestellten Datensätze gleiche Information und Dimension – dennoch würde man ihnen intuitiv unterschiedliche Komplexität zusprechen. Um die zeitliche Dynamik der Daten zu erfassen, müssen statt der Häufigkeitsverteilung einzelner Zustände vielmehr die relativen Häufigkeiten von längeren Zustandsfolgen berücksichtigt werden.

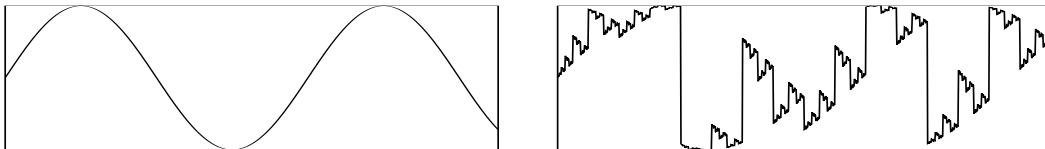


Abbildung 3.2: Zwei Datensätze gleicher Information und Dimension doch vermeintlich unterschiedlicher Komplexität. Der rechte Datensatz ist eine Permutation des linken.

Betrachtet man den Grenzwert unendlich langer Zustandsfolgen, gelangt man zu den verallgemeinerten Entropien, bzw. **Rényi-Entropien**, welche von A. N. Kolmogorov (1958) und Sinai (1959) eingeführt wurden, und mittlerweile ebenfalls als Komplexitätsmaße Verwendung finden. Die verallgemeinerten Entropien beschreiben die Rate mit welcher Information, die aus einer Messung des Systemzustands erhalten wurde, mit der Zeit verloren geht – man spricht gelegentlich auch von der Rate, mit der das System Information produziert.

RÉNYI-ENTROPIEN

Sei x eine Datenreihe. Über der Menge aller möglichen Partitionen des Zustandsraumes sind die verallgemeinerten Entropie bzw. Rényi-Entropien der Ordnung q definiert als

$$E^{(q)} = \sup_p \lim_{N \rightarrow \infty} \frac{I_N^{(q)}}{N}$$

$I_N^{(q)}$ ist dabei die Rényi-Information über den Verbundwahrscheinlichkeiten $p_{i_1 i_2 \dots i_N}$. $E^{(0)}$ heißt *topologische*, $E^{(1)}$ *metrische* (auch *Kolmogorov-Sinai*-) Entropie.

Für periodische Daten gilt $E^{(q)} = 0$, für stochastisch unkorrelierte Daten wächst $E^{(q)}$ über alle Grenzen (siehe [Wac95] S. 32).

Verallgemeinerte Dimensionen und Entropien erfreuen sich heute bei der Analyse von Zeitreihen ausgesprochener Beliebtheit. Ob sie aber tatsächlich brauchbare Komplexitätsmaße darstellen, hängt stark davon ab, welche Vorstellung man mit den untersuchten Daten verbindet. Im Kontext der Informationstheorie sind diese Maße statistische Größen, die über den zugrundeliegenden Prozeß keine Aussage machen. Nimmt man aber an, daß der Dynamik ein deterministisches System zugrundeliegt, so ist der Grund für den Informationsverlust der Entropien zwingend eine *chaotische* Systemdynamik¹¹: Aufgrund einer exponentiellen Divergenz von Nachbarzuständen wird der Bereich des Zustandsraumes, in dem das System per Messung bestimmt wurde, mit der Zeit verformt, bis er den gesamten Zustandsraum durchdringt. Dies suggeriert, daß die Rényi-Entropien recht eigentlich ein Maß nicht für Komplexität, sondern für deterministisches Chaos darstellen (Für die Rényi-Dimensionen läßt sich eine ähnliche Argumentation führen, worauf an dieser Stelle jedoch verzichtet wird). Die Beziehung zwischen Komplexität und Chaos soll in Abschnitt 3.3.1 vertieft werden.

Die bisher behandelten Komplexitätsmaße gründen alle auf der Verteilung von Zustandswahrscheinlichkeiten – es sind statische Maße. Alternativ kann man Übergangswahrscheinlichkeiten, d. h. relative Häufigkeiten von Zustandswechseln, untersuchen. Dann lassen sich die resultierenden Maße zwar nicht mehr auf statische Strukturen anwenden (was mit den bisherigen Maßen möglich war), doch können die dynamischen Maße zeitliche Regelmäßigkeiten eventuell besser fassen¹². Ein solcher Ansatz ist die Messung des **mittleren Informationsgewinns**.

MITTLERER INFORMATIONSGEWINN

Gegeben sei eine Datentreihe x über der Partition \mathcal{P} des Zustandsraumes. Der Informationsgewinn (auch Kullbach-Information) ergibt sich aus den Übergangswahrscheinlichkeiten $p_{i \rightarrow j}$ von Zustand i in Zustand j durch

$$G_{ij} = -\log p_{i \rightarrow j}$$

Mittelt man über alle Zustandswechsel ergibt sich der mittlere Informationsgewinn:

$$\langle G \rangle = -\sum_{i,j} p_{ij} G_{ij} = -\sum_{i,j} p_{ij} \log p_{i \rightarrow j}$$

Der mittlere Informationsgewinn beschreibt die durchschnittliche zusätzliche Information, die man aus einer weiteren Messung eines Systems erhält, wenn man dessen letzten Zustand bereits lokalisiert hatte. Auf ihm aufbauend läßt sich ein heute stark propagiertes Komplexitätsmaß 2. Ordnung definieren: die **Fluktuationskomplexität**. Sie wurde 1992 von Bates und Shepard eingeführt und quantifiziert die Varianz des Nettoinformationsgewinns – sie mißt, wie stark die

¹¹Die verallgemeinerte Entropie steht gemäß der *Identität von Pesin* mit dem *Ljapunov-Spektrum* in Verbindung:

$$E^{(q)} \leq \sum_{i:\lambda_i > 0} \lambda_i$$

Ähnlich verhält es sich mit der verallgemeinerten Dimension, die über die *Kaplan-Yorke-Beziehung* mit dem Ljapunov-Spektrum in Zusammenhang steht – näheres siehe z. B. [KS97] S. 198ff

¹²Man beachte jedoch, daß sich Übergangswahrscheinlichkeiten formal in Zustands- und Verbundwahrscheinlichkeiten umformen lassen: $p_{i \rightarrow j} = p_{ij}/p_i$

Differenz aus Informationsgewinn und -verlust mit der Zeit schwankt. Komplex ist ein System demnach, wenn das Wissen über die Systementwicklung variiert, seine Dynamik also mal sehr gut und mal sehr schlecht prognostiziert werden kann.

FLUKTUATIONSKOMPLEXITÄT

Sei x eine Datenreihe über der Partition \mathcal{P} . $G_{ij} = -\log p_{i \rightarrow j}$ bezeichne den Informationsgewinn, $L_{ij} = -\log p_{i \leftarrow j}$ den Informationsverlust des Systems beim Übergang von Zustand i in Zustand j . Der Nettoinformationsgewinn

$$\Gamma_{ij} = G_{ij} - L_{ij} = \log \frac{p_i}{p_j}$$

ist wegen der Normierung $\sum_j p_{i \rightarrow j} = 1$ gleich Null. Seine Varianz definiert die Fluktuation-komplexität:

$$\sigma_{\Gamma}^2 = \langle \Gamma^2 \rangle - \langle \Gamma \rangle^2 = \sum_{i,j=1}^N p_{ij} \left(\log \frac{p_i}{p_j} \right)^2$$

Für periodisches Verhalten gilt unabhängig von der Periode $\sigma_{\Gamma}^2 = 0$. Für stochastische Daten ist σ_{Γ}^2 ebenfalls gleich Null, da dort die Übergangswahrscheinlichkeiten $p_{i \rightarrow j}$ homogen sind.

Eine interessante Interpretation der Fluktuationkomplexität liefert R. Wackerbauer: betrachtet man den Nettoinformationsgewinn aus Sicht des Systems, so bedeutet dies, „daß das System fähig ist, kurzzeitig Information aufzunehmen, zu speichern und wieder abzugeben.“ ([Wac95] S. 36). Fraglich ist aber, ob dieses Verständnis die formale Definition der Information (als Maß kompensierter Ungewißheit) nicht möglicherweise überspannt.

3.2.2 Maße der Automatentheorie

Eine Reihe von Komplexitätsmaßen beruht auf dem Vorgehen, eine zu untersuchende Datenreihe durch ein bestimmtes Modell zu reproduzieren bzw. zu approximieren und anschließend Komplexität als eine spezifische Eigenschaft dieses Modells zu definieren¹³. Als Modelle werden meist einfache Konstrukte der Automatentheorie herangezogen. Gerechtfertigt wird dieser Ansatz durch die Vorstellung, daß in den Daten codiertes komplexes Verhalten in Wahrheit die Folge einer inhärenten Komplexität des zugrundeliegenden Prozesses/Systems ist: „We can interpret pattern as the result of a computational process. The process consists of a program, which provides the ordered or repeating elements in a pattern, plus data, which provides the random elements.“ ([GN00] S. 9) In diesem Abschnitt sollen die wichtigsten dieser Maße präsentiert werden.

Das heute wohl bekannteste Komplexitätsmaß wurde unabhängig voneinander von Solomonoff (1964), A. N. Kolmogorov (1965) und G. J. Chaitin (1966) aufgestellt. Geleitet von der

¹³ Um sofort eventueller Verwechslung vorzubeugen, sei erwähnt, daß die in der theoretischen Informatik definierte **computationale Komplexität** (auch I-Komplexität), die einem Algorithmus eine obere Schranke für den Ressourcenverbrauch (Laufzeit, Speicherplatz, etc.) relativ zur Menge der Eingaben zuweist, kein Komplexitätsmaß im hier verstandenen Sinn darstellt, da dieses Maß keinen universellen Anspruch hat. Es existieren jedoch universelle Komplexitätsmaße, die auf der computationalen Komplexität aufbauen. So etwa die in diesem Abschnitt behandelte logische Tiefe.

Vorstellung, daß eine Datenreihe um so komplexer ist, je aufwendiger ihre Reproduktion ist, definieren sie den **algorithmischen Informationsgehalt** (auch Kolmogorov-Chaitin-Komplexität) als die Länge des kürzesten Algorithmus, der eine gegebene Symbolsequenz bzw. Datenreihe erzeugen kann. Dabei stellt sich die Frage nach der Sprache, in der der gesuchte Algorithmus zu formulieren sei. Kolmogorov und Chaitin verweisen auf den „Befehlssatz“ universeller Turingmaschinen¹⁴. Dadurch handeln sie sich allerdings das Problem ein, daß ihr Komplexitätsmaß (als Folge des Halteproblems) nicht berechenbar ist.

ALGORITHMISCHER INFORMATIONSGEHALT (AIC)

Sei x eine Zeichenkette über dem Alphabet Σ , M eine universelle Turingmaschine und A die Menge aller terminierenden Programme, die x erzeugen, d. h. $M(a) = x$ für alle $a \in A$. $|a|$ bezeichne die Länge des Algorithmus. Der algorithmische Informationsgehalt $H(x)$ von x ist dann definiert als

$$H(x) = \min\{|a| : M(a) = x\}$$

H ist abhängig von der verwendeten Codierung Σ und von der Länge der Zeichenkette x . Eine triviale obere Schranke ist $|x| + |c|$, mit c als Codierung der Anweisung „drucke x “. Diese Schranke wird erreicht, wenn x minimale Redundanz aufweist, also zufällig ist. Periodische Daten haben hingegen einen sehr niedrigen algorithmischen Informationsgehalt. H ist eine obere Schranke der Entropie $E^{(1)}$.

Als praktikabler erweist sich eine Variante der AIC von A. Lempel und J. Ziv aus dem Jahr 1976, deren Algorithmen auf die Operationen „kopieren“ und „einfügen“ beschränkt sind. Dank der reduzierten Mächtigkeit der Sprache läßt sich der gesuchte Algorithmus nun effizient berechnen¹⁵.

Obwohl häufig in der Literatur behauptet, stimmen AIC und Lempel-Ziv-Komplexität nicht überein. Um dies zu illustrieren betrachten wir eine von der logistischen Abbildung $x_{n+1} = 4x_n(1 - x_n)$ bei voll entwickeltem Chaos erzeugte Datenreihe (siehe Abbildung 3.1 rechts). Gemäß Kolmogorov-Chaitin ist der kürzestmögliche Algorithmus eine Implementation der zugrundeliegenden mathematischen Gleichung und damit (bei hinreichender Datenlänge) von sehr geringer Komplexität. Gemäß Lempel-Ziv läßt sich in den von der Gleichung erzeugten Daten jedoch keine Redundanz finden – sie sind nach Untersuchungen von R. Wackerbauer inkompressibel und damit maximal komplex (siehe [Wac95] S. 53). Generell wirft der Versuch, Komplexität über reproduzierende Modelle und Algorithmen zu definieren, eine Reihe zentraler Fragen auf: Sind Daten und Strukturen nur dann komplex zu nennen, wenn ihnen keine Regelmäßigkeit zugrunde liegt, sie also zufällig sind, oder liegt die Komplexität von Daten vielmehr in der Komplexität der Regeln begründet? Sind z. B. die logistische Abbildung oder die Mandelbrotmenge, denen sehr einfache Rekursionsformeln zugrundeliegen, komplex? Da sich formal nicht entscheiden läßt, ob eine Zeichenkette zufällig oder von einer Regel erzeugt wurde¹⁶, muß die Frage umformuliert werden: Sind Daten nur dann komplex, wenn wir keine sie erzeugenden Regeln finden? Welche Regeln sich finden lassen, hängt wie wir gesehen haben massiv von

¹⁴An dieser Stelle ergibt sich eine Unklarheit: die Programme einer Turingmaschine sind durch Übergangsmatrizen gegeben. Wie aber bestimmt man die Länge eines solchen Programms? Zwei Möglichkeiten scheinen denkbar: Länge als Anzahl nötiger Zustände, oder als minimale Bandlänge der Turingmaschine. Leider machte die verwendete Literatur dazu keine Angaben.

¹⁵Tatsächlich wird das Verfahren von Lempel-Ziv in der Praxis häufig zur Datenkompression herangezogen

¹⁶Laut [Chr96] S. 63 wurde dies von Chaitin bewiesen und ist eine Folge des Gödelschen Unvollständigkeitssatzes.

ZIV-LEMPEL-KOMPLEXITÄT

Um nach dem Verfahren von Lempel und Ziv die Komplexität einer Zeichenkette $S = s_0s_1 \dots s_L$ zu bestimmen, zerlegt man diese in Wörter A_{i,n_i}^W der Länge n_i , wobei $A_{1,1}^W = s_0$ gesetzt wird, und $A_{i,n_{i+1}}^W = s_k \dots s_{k+n_{i+1}-1}$ das kürzeste Wort darstellt, das nicht in der Teilsequenz $S' = s_0s_1 \dots s_{k+n_{i+1}-2}$ auftaucht. So wird beispielsweise die Zeichenkette 0010110000101101 in die Wörter (0)(01)(011)(000)(0101101) zerlegt.

Die Anzahl $c(L)$ der Wörter ist dabei um so größer, je weniger Redundanz in den Daten vorliegt und erreicht bei völlig zufällige Zeichenketten eine obere Schranke (siehe [Wac95] S. 27f). Verwendet man diese Schranke zur Normierung, so ergibt sich der algorithmische Informationsgehalt nach Lempel und Ziv durch die Beziehung

$$C_a = \lim_{L \rightarrow \infty} c(L) \frac{\log L}{L \log N}$$

wobei N die Mächtigkeit des zugrundeliegenden Alphabets (üblicherweise 2) bezeichnet. Für periodische Daten ist die Anzahl der auftretenden Wörter beschränkt, mit $L \rightarrow \infty$ folgt dann $C_a = 0$. Bei völlig zufälligen Symbolsequenzen ergibt sich aufgrund der Normierung definitionsgemäß $C_a = 1$. Nichtperiodische und zugleich nicht-stochastische Daten (z. B. chaotische) nehmen einen Wert im Intervall $[0, 1]$ an.

der Mächtigkeit der verwendeten Sprache ab. Diese Problematik soll in Abschnitt 3.3.2 vertieft werden.

Sowohl Kolmogorov-Chaitin- als auch Lempel-Ziv-Komplexität werden heute als Komplexitätsmaße von den meisten involvierten Wissenschaftlern verworfen, da sie nicht der in Abschnitt 3.1.3 gestellten Minimalforderung genügen. Sie ordnen rein stochastischen Daten einen maximalen Wert zu, und gelten daher als Maße des Informationsgehalts bzw. der Redundanz oder Komprimierbarkeit eines Datensatzes.

Neben der Programmlänge kann Komplexität auch zu anderen Eigenschaften des modellierenden Automaten in Verbindung gebracht werden. Angemerkt sei an dieser Stelle die **logische Tiefe** (logical depth), die im Jahr 1977 ebenfalls von G. J. Chaitin eingeführt, und maßgeblich von C. Bennett weiterentwickelt und propagiert. Diese zieht zur Bestimmung der Komplexität einer Datenreihe die *Laufzeit* des kürzestmöglichen Algorithmus heran – es handelt sich also um eine Kombination von algorithmischem Informationsgehalt und computationaler Komplexität (siehe Fußnote 13).

LOGISCHE TIEFE

Sei M eine universelle Turing-Maschine, x eine Datenreihe über dem Alphabet Σ , a' der kürzeste Algorithmus (mit Länge $|a'|$), der x erzeugt, d. h. $M(a') = x$, T ein Maß für die Laufzeit und $s \in \mathbb{R}$ ein Signifikanz-Parameter. Dann ist die logische Tiefe gegeben durch

$$D_s(x) = \min \{ T(a) : |a| - |a'| < s \text{ und } M(a) = x \}$$

Genauso wie AIC ist die logische Tiefe nicht berechenbar.

Anders als AIC und Lempel-Ziv-Komplexität ist die logische Tiefe ein Komplexitätsmaß zwei-

ter Ordnung: da die Laufzeit des kürzesten Algorithmus nur von mehr oder minder aufwendigen Dekompressions-Mechanismen herrühren kann, sind stochastische Daten, die sich nicht komprimieren lassen, logisch flach – die Laufzeit ist (wie bei konstanten Daten) etwa linear zur Datenlänge.

Im Gegensatz zu den bisherigen Maßen dieses Abschnitts verwendet die 1989 von Crutchfield und Young eingeführte ϵ -Komplexität ([Cru89]) keinen deterministischen, sondern einen stochastischen endlichen Automaten. Diese sogenannte ϵ -Maschine hat eine endliche Menge von Zuständen, zwischen denen sie mit bestimmten Übergangswahrscheinlichkeiten wechselt. Bei jedem solchen Zustandswechsel generiert der Automat eine Ausgabe (Markov-Prozeß). Nach dem Verfahren von Crutchfield und Young lassen sich Zustandsmenge und Übergangswahrscheinlichkeiten des Automaten derart bestimmen, daß der resultierende Ausgabestrom des Automaten statistische Charakteristika der gegebenen Daten mit einer wählbaren Genauigkeit ϵ approximiert. Damit ist ein Datensatz nicht dann komplex, wenn er aufwendig zu reproduzieren, sondern wenn er aufwendig zu beschreiben ist.

ϵ -KOMPLEXITÄT

Um die ϵ -Komplexität einer Datenreihe x über dem Alphabet Σ zu bestimmen, wird zunächst unter Verwendung aller ihrer Teilwörter $x_i^{(n)}$ der Länge n ein Entscheidungsbaum konstruiert. Knoten der Ebene j des Baumes sind die jeweils j -ten Zeichen der Wörter $x_i^{(n)}$. Die Kanten werden mit den Übergangswahrscheinlichkeiten $p_{x_i^{(j)} \rightarrow x_i^{(j+1)}}$ gewichtet. Auf der Menge der Unterbäume mit fest gewählter Länge m ($m < n$) wird nun eine Äquivalenzrelation eingeführt: zwei Unterbäume heißen ϵ -äquivalent genau dann, wenn sich ihre Kantengewichte höchstens um den Betrag ϵ unterscheiden – mittels ϵ läßt sich damit die Modellgenauigkeit variieren.

Die einzelnen Klassen dieser Äquivalenzrelation können als Zustände eines stochastischen endlichen Automaten (sog. ϵ -Maschine) verstanden werden, dessen Übergangsmatrix durch die Gewichte des Entscheidungsbaumes gegeben ist. Die ϵ -Komplexität C_ϵ von x ist dann definiert als Shannon-Information $I^{(1)}$ der Zustandswahrscheinlichkeiten des Automaten.

Für p -periodische Daten ist $C_\epsilon = \log p$ (Falls $p \leq m$). Für rein stochastische Verhalten hat der entsprechende Automat nur einen einzigen Zustand, der mit Wahrscheinlichkeit 1 auftritt. Es folgt dann $C_\epsilon = 0$.

Die ϵ -Maschine modelliert in ihren internen Zuständen Teildynamiken der gegebenen Datenreihe, deren statistische Eigenschaften sich voneinander unterscheiden (wodurch sie der Fluktuationskomplexität nahesteht). Beispielsweise kann eine Datenreihe, in der sich rein stochastisches und konstantes Verhalten abwechseln, durch zwei Zustände (A für stochastische, B für konstante Dynamik) modelliert werden (siehe Abbildung 3.3). Die ϵ -Komplexität – definiert als Shannon-Information der Automatenzustände – erfäßt nun gerade den Wechsel zwischen diesen Teildynamiken. Komplexität äußert sich gemäß Crutchfield und Young also in der Variation statistischer Eigenschaften und spiegelt so die Strukturiertheit einer Datenreihe wieder.

3.2.3 weitere Ansätze

Neben den Vorschlägen der Informations- und Automatentheorie werden heute zunehmend Konzepte für Komplexitätsmaße veröffentlicht, die auf der Graphentheorie basieren: „Graphs

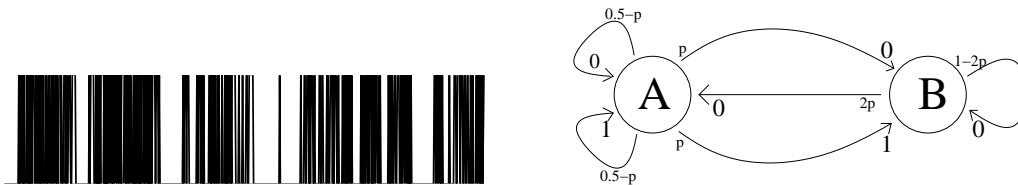


Abbildung 3.3: komplexe Datenreihe und zugehörige ϵ -Maschine (Erläuterung siehe Text)

are perhaps the most fundamental units [...] graphs are inherent in both the structure and behaviour of all complex systems“ ([Gre96]). Anders als die bisherigen Maßvorschlage versuchen diese Ansatze nicht, Komplexitat uber Datenreihen zu ermitteln – sie wollen stattdessen die Systemstruktur, d. h. die Organisation der den Daten zugrundeliegenden Prozesse beruck­sichtigen. Untersucht werden dann Konnektivitat, durchschnittliche Pfadlangen, Exzentrizitat und andere Charakteristika der Graphen¹⁷.

K. Y. Degtiarev unternimmt den Versuch, Wechselwirkungen zwischen den Graphenknoten in linguistischen Variablen zu formulieren, wenn sich das System einer strikten Formalisierung verwehrt. Ein groer Vorteil solcher Bestrebungen liegt darin, da sie auf z. B. psychologische und soziale Systeme angewandt werden konnen, deren Systemverhalten moglicherweise nicht einfach mebar ist.

Andere Autoren wollen die subjektiven Aspekte von Komplexitat starker betont wissen: „Instead of asserting complexity is a property of some system, it is a property of the description.“ [Sta01] schreibt R. K. Standish und propagiert ein Komplexitatsma, welches der Shannon-Information folgt, jedoch nicht unmittelbar uber Systemzustanden sondern uber aquivalenzklassen ahnlicher Zustanden arbeitet. Auch J. Casti baut ein Komplexitatsma auf solchen aquivalenzrelationen auf: fur ihn ist ein System um so komplexer, je mehr nicht-aquivalente Moglichkeiten seiner Modellierung existieren¹⁸: dazu definiert er eine Menge von Observablen des zu untersuchenden Systems. uber diesen lassen sich nun Zustandsgleichungen, bzw. Beschreibungen in Form von Relationen definieren. aquivalenzklassen solcher Relationen fassen gleichwertige Beschreibungen zusammen – die Anzahl der aquivalenzklassen bestimmt fur Casti nun unmittelbar die Komplexitat des Systems.

In beiden Ansatzen folgen die aquivalenzrelationen aus dem jeweiligen theoretischen Kontext des untersuchten Systems. Will man z. B. die Komplexitat der DNA bemessen, so bestimmt der Genetische Code, welche Basenpaare als aquivalent betrachtet werden sollten: genau jene, welche die gleiche Aminosaure codieren. Diese subjektiven und kontext-abhangigen Aspekte von Komplexitat werden in Abschnitt 3.3.2 vertieft.

3.3 Diskussion

3.3.1 Komplexitat vs. Chaos

uber die genaue Beziehung zwischen Komplexitat und Chaos besteht bisher wenig Klarheit: viele Autoren benutzen die Begriffe synonym, oder untersuchen von ihnen aufgewiesene Komplexitaten ausschlielich mit den Methoden der Chaostheorie – etwa den Dimensions- und

¹⁷siehe z. B. die Arbeiten [Deg00], [Gre96], [GN00]

¹⁸Dargestellt nach [Chr96] S. 86

Entropiemaßen. Sicherlich kann man deterministisches Chaos als eine Spielart von Komplexität verstehen – die nichtlinearen Wechselwirkungen der Systemkomponenten sind ja bereits hinreichend für chaotisches Verhalten. Problematisch ist die umgekehrte Implikation: kann die heutige Chaostheorie bereits alle Verhaltensweisen komplexer Systeme erfassen? Gell-Mann und Crutchfield tendieren dazu, diese Frage zu verneinen: „the term ‚edge of chaos‘ is itself somewhat misleading, since the disordered realm may not actually be chaotic“ ([GMC]). Ist die *Sensibilität gegenüber den Anfangsbedingungen* der Chaostheorie der einzig mögliche Grund für die nicht-prognostizierbare Entwicklung komplexer Systeme? Die von P. Bak et al. entwickelte Theorie der *selbstorganisierten Kritikalität* scheint eine Erklärung für Unvorhersagbarkeit zu liefern, ohne sich auf chaotische Mechanismen zu berufen¹⁹. Allerdings konnten Ph. Blanchard et al. in der Untersuchung eines klassischen selbst-organisiert kritischen Systems positive Ljapunov-Exponenten und damit deterministisches Chaos nachweisen: „If the dynamic is ergodic the Ljapunov-exponents are almost-surely constants [...] corresponding to the shift action there is a positive Ljapunov-exponent“ ([BCK99] S. 9). Unter der Annahme, daß die komplexe Dynamik *ergodisch* ist (d. h. die Attraktoren des Systems sind vom Maß 0) ist der Zusammenhang eindeutig: die deterministische Dynamik ist entweder regulär oder chaotisch. Will man Komplexität mit irregulärem – „überraschendem“ – Verhalten assoziieren, so kann dies nur aus einer chaotischen Systemdynamik folgen. Die Begriffe könnten dann tatsächlich synonym sein.

Ergodizität ist jedoch nicht bei allen Systemen gegeben: „It turns out that the most interesting phenomena observed at equilibrium, notably phase transitions and glassy behaviour, descend from a breakdown of such global ergodicity.“ ([BP97] S. 58) Ein recht populäres Verhalten komplexer nicht-ergodischer Systeme ist die sogenannte *Pfadabhängigkeit*. Sie wurde erstmals von B. Arthur im Kontext wirtschaftlicher Entwicklungen identifiziert und besagt, daß das Verhalten pfadabhängiger Systeme sich nicht eindeutig aus der Kenntnis des aktuellen Systemzustands vorhersagen läßt, da es von der Geschichte des Systems beeinflußt werden kann. Evolutionsprozesse komplexer Systeme basieren deshalb wesentlich auf dieser Eigenschaft. Pfadabhängige Systeme können weder mit (endlich-dimensionalen) ergodischen Differential- oder Differenzgleichungen, noch mit stochastischen Automaten, also Markov-Prozessen im Sinne der ϵ -Maschine adäquat modelliert werden, da all diese Ansätze nur ein endliches „Gedächtnis“ besitzen:

„Komplexe Systeme, die vom nicht-Markovprozeß definiert werden, zeigen kein einfaches stochastisches Verhalten. Außerdem können wir ihre Prozesse auf der Grundlage deterministischer klassischer Dynamik nicht definit bestimmen.“ ([NM99] S. 93)

E. R. Nakamura und T. Mori modellieren daher, pfadabhängige Systeme mit *regelverändernden Automaten*, deren Programme, durch ihren jeweiligen Zustand modifiziert werden. Jedoch wurde meines Wissens nach über diesen durchaus interessanten Ansatz bis dato noch kein Komplexitätsmaß definiert.

3.3.2 Subjektive Aspekte der Komplexität

Alle Bemühungen, Komplexität zu quantifizieren, begegnen der Schwierigkeit, daß die gesuchte Größe zu einem gewissen Grade subjektiv ist: sie hängt von der Theorie ab vor deren Hintergrund ein System untersucht wird. Komplexität ist vielleicht weniger ein physikalisches als ein mentales Konzept:

¹⁹Zur selbstorganisierten Kritikalität siehe den Aufsatz von Ole Bahlmann in diesem Band.

„As measures of something like complexity for an entity in the real world, all such quantities are to some extent context-dependent or even subjective. They depend on the coarse graining (level of detail) of the description of the entity, on the previous knowledge and understanding of the world that is assumed, on the language employed, on the coding method used for conversion from that language into a string of bits, and on the particular ideal computer chosen as a standard.“ ([Gel95])

Am deutlichsten zeigt sich diese Subjektivität sicherlich bei Ansätzen, die in Abschnitt 3.2.3 skizziert wurden und Komplexität explizit an Modellen realer Systeme festmachen. Subtiler verhält es sich bei den Maßvorschlägen der Informationstheorie, denen man eine subjektive Komponente vielleicht auf Anhieb absprechen würde. Sie verbirgt sich in der gewählten Partitionierung des Zustandsraumes – sprich, der Einteilung der Meßwerte in Klassen. Es wurde bereits bei der Diskussion der Rényi-Information darauf hingewiesen, daß die Resultate einzelner Maße sehr sensibel auf die gewählte Klasseneinteilung reagieren. Welche Partitionierung kann die Charakteristika eines zu untersuchenden Systems am besten erfassen? Die symbolische Dynamik liefert darauf eine Antwort: ist das System als Abbildungsvorschrift gegeben, dann läßt sich eine Partitionierung – die sogenannte *erzeugende Partition* – finden, die die Systemdynamik am genauesten widerspiegelt²⁰. Legt man nun eine Abbildungsvorschrift an die zu untersuchenden Daten an, so spiegeln sich in dieser theoretische Annahmen über das System wieder. Auch hier arbeitet man mit einem Modell.

In der Automatentheorie zeigt sich diese Subjektivität in der verwendeten Automatenarchitektur (und damit im verwendeten Berechenbarkeitsbegriff): Die Mehrheit der vorgeschlagenen Maße werden über Turing-Maschinen definiert – den bis heute mächtigsten Rechenmodellen der Automatentheorie. Daten, die mit wesentlich einfacheren Automaten beschrieben werden können, lassen sich dadurch von „komplexeren“ nicht unterscheiden. Andererseits existieren eine Reihe sehr einfacher physikalischer Prozesse, deren Modellierung mittels universeller Turing-Maschinen mit enormen Schwierigkeiten bezüglich Laufzeit, Speicherplatz, u. ä. verbunden sind. Die Frage, ob alle physikalischen Prozesse mit Turing-Maschinen überhaupt simuliert werden können (die sogenannte *physikalische Church-These*), ist bisher unbeantwortet²¹. Ändert man den Berechenbarkeitsbegriff (etwa indem man sich auf Quanten-Computer beruft), dann könnte die Möglichkeit einer Simulation gewährleistet sein:

„What do the decoherent histories generated by a universal quantum computer contain? They contain computations that generate all algorithmically specifiable structures, including digital complex adaptive systems. If atoms, molecules, and biological structures can be simulated by a quantum computer (and there is no reason to think that they cannot), that computer contains digital analogues of you and me.“ ([Llo97])

Vielleicht sollte dieser theorierelative Aspekt bei der Suche eines Komplexitätsmaßes sogar noch stärker berücksichtigt werden: betrachtet man Komplexität als Auftreten emergenter Strukturen auf der Makroebene, verursacht durch zugrundeliegende Prozesse der Mikroebene, so

²⁰In der erzeugenden Partition läßt sich jeder Wert x eindeutig als Folge von Partitionsintervallen $X_1X_2X_3\dots$ angeben, die das System unter der Dynamik durchläuft. Die Abbildungsvorschrift vereinfacht sich dann auf die sogenannte shift-Abbildung $\sigma : X_iX_{i+1}X_{i+2}\dots \longrightarrow X_{i+1}X_{i+2}X_{i+3}\dots$.

Methodisch läßt sich diese Partitionierung nur für eindimensionale Abbildungen bestimmen. Für Partitionierungen mehrdimensionaler Abbildungen wurde bis dato kein einfaches Verfahren gefunden.

²¹siehe [Chr96] S. 64

liegt es nahe, genau diese Mikroprozesse in der gewählten Programmiersprache adäquat zu modellieren. So könnte man etwa zur Analyse molekularbiologischer Systeme Automaten heranziehen, deren Befehlssatz die Grundlagen chemischer Reaktionen möglichst genau abbildet²². Ob und inwieweit ein solcher Ansatz noch zu einem universellen Komplexitätsmaß führt, bliebe im einzelnen zu klären.

3.3.3 Vergleich der Maße

Da die Maße der Abschnitte 3.2.1 und 3.2.2 zum Teil sehr ähnlich definiert sind, mag man annehmen, daß sie sich in ihren Werte auch nur geringfügig unterscheiden. Daß dies durchaus nicht der Fall ist, zeigen systematische Untersuchungen von R. Wackerbauer, die zahlreiche Komplexitätsmaße sowohl auf mathematische als auch auf natürliche Systeme (EKG-Daten) angewandt hat.

Interessant ist an dieser Stelle v. a. ihre Arbeit mit der logistischen Abbildung, da sich deren Verhalten mittels eines Kontrollparameters über weite (reguläre und chaotische) Bereiche variieren läßt. Abbildung 3.4 zeigt die Graphen einiger hier besprochener Komplexitätsmaße gegenüber diesem Kontrollparameter. Die Analyse macht deutlich, daß die jeweiligen Maße nur eine Eigenschaft des Systems messen (die sie dann mit Komplexität gleichsetzen), und „daß zur Beschreibung spezieller Eigenschaften unterschiedliche Komplexitätsmaße betrachtet werden müssen.“ ([Wac95] S. 67)

Noch deutlicher sprechen R. Badii und A. Politi: „It will appear that [complexity measures] cannot be ordered by elementary inclusion relations, so that simplicity of an object according to the most 'liberal' measure implies simplicity according to the strictest one and vice versa for a complex object“, woraus sie ableiten, daß „there cannot be a unique indicator of complexity, in the same way as entropy characterizes disorder“ ([BP97] S. xii bzw. 10).

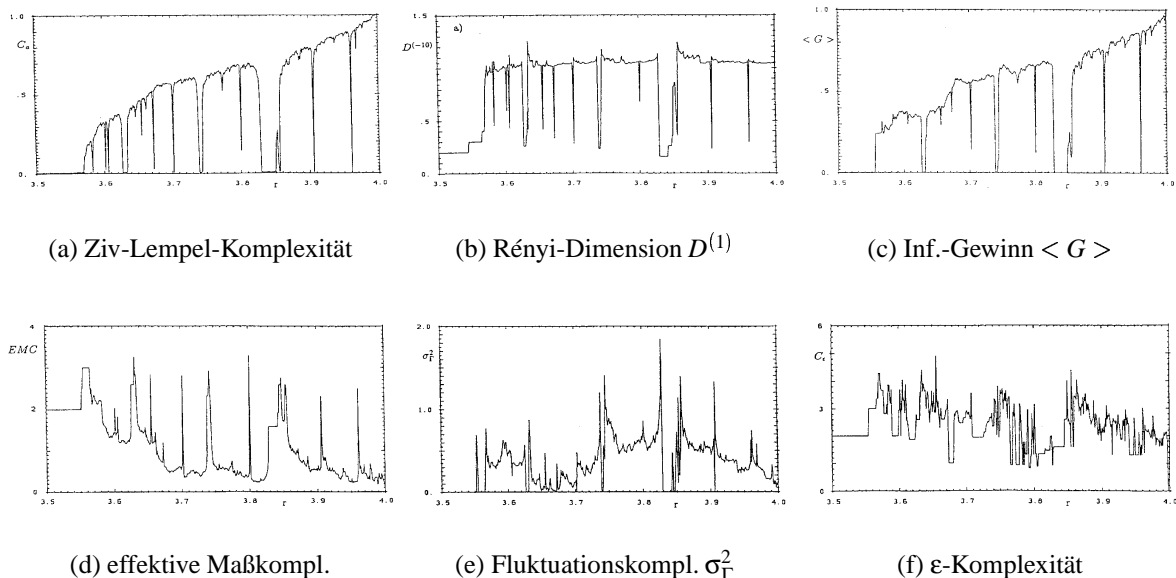


Abbildung 3.4: Graphen unterschiedlicher Komplexitätsmaße für die logistische Abbildung gegenüber dem Kontrollparameter r im Bereich von 3,5 bis 4 – aus [Wac95]

²²Vereinzelte Überlegungen, Komplexität aus UML-Diagrammen zu bestimmen, weisen in diese Richtung – siehe [GN00] S. 8

Es scheint also zweifelhaft, daß die Suche nach einem einzigen, universellen Komplexitätsmaß je von Erfolg gekrönt wird. Dies sollte meines Erachtens jedoch nicht dazu führen, das Konzept Komplexität und die Versuche seiner Quantifizierung zu verwerfen – im Gegenteil!

Die unterschiedlichen Maße helfen einerseits, verschiedene Erscheinungsformen des Komplexen zu differenzieren – andererseits ermöglichen sie es, das genaue Verhältnis dieser Erscheinungsformen zueinander zu untersuchen. Daher sollte der von R. Wackerbauer geleistete Vergleich systematisch vertieft und ausgeweitet werden: Wenn eine Vielzahl von Komplexitätsmaßen anhand ausgewählter und gut untersuchter Beispielsysteme analysiert wird, lassen sich möglicherweise Abhängigkeiten zwischen verschiedenen Maßen ausmachen, die über einen rein mathematisch-tautologischen Zusammenhang hinausgehen.

Als Indizien für mögliche allgemeine Regelmäßigkeiten komplexer Systeme werden derartige Korrelationen v. a. dann interessant, wenn neben den verhaltensorientierten Maßen der Informations- und Automatentheorie auch systemstruktur-orientierte Maße der Graphentheorie verglichen werden. Diese Untersuchungen sollten an Systemen ausgeführt werden, die für ihre Komplexität bekannt und deren Verhalten sowohl experimentell wie auch theoretisch gut untersucht sind – etwa den realen Messungen und Computermodellen des „sand pile’s“ der selbstorganisierten Kritikalität. Insbesondere sollten diese Systeme das typische Spektrum der Eigenschaften komplexer Systeme (Unverhersagbarkeit, Pfadabhängigkeit, Strukturbildung, ...) abdecken.

3.4 Zusammenfassung

Die ausgiebige Suche nach einem universellen Komplexitätsmaß hat zu zahlreichen unterschiedlichen Vorschlägen geführt. Diese unterscheiden sich in den Ansätzen, in den Eigenschaften, mit der sie Komplexität assoziieren und im Wert, den sie einem System beimessen. Schwierigkeiten bereitet vor allem der subjektive Aspekt von Komplexität.

Wer heute etwas über die Komplexität eines von ihm untersuchten Systems aussagen will, muß sich aus dieser Fülle von Vorschlägen ein passendes Maß herausuchen oder (wie häufig) ein eigenes definieren. Von einer Einigung auf ein einziges universelles Maß scheint man denkbar weit entfernt. Stattdessen ist sogar ungewiß mit welchen mathematischen Ansätzen Komplexität überhaupt hinreichend erfaßt werden kann. Wir wissen daher nicht, ob eine geschlossene Theorie komplexer Systeme jemals gefunden und die Frage „Was ist Komplexität?“ je beantwortet wird. Wir können aber hoffen, durch die Suche nach einer Antwort zu einem tieferen Verständnis der uns umgebenden Welt zu gelangen.

Literaturverzeichnis

- [BCK99] Ph. Blanchard, B. Cessac, and T. Krüger. What can one learn about self-organized criticality from dynamical systems theory? arXiv prePrint cond-mat/9912081 (<http://www.arXiv.org>), 1999.
- [BP97] R. Badii and A. Politi. *Complexity – Hierarchical Structures and Scaling in Physics*, volume 6 of *Cambridge Nonlinear Science Series*. Cambridge University Press, 1997.
- [CFS99] James P. Crutchfield, David P. Feldman, and Cosma R. Shalizi. Comment on “simple measure for complexity”. Santa Fe Institute Working Paper 99-06-040, 1999.
- [Chr96] Markus Christen. *Zweifel am Rande des Chaos – wissenschaftstheoretische Probleme der Komplexitätsforschung*. PhD thesis, Universität Bern, 1996.
- [Cru89] James P. Crutchfield. Inferring the dynamic, quantifying physical complexity. In Neal B. Abraham et al., editor, *Measures of Chaos and Complexity*, pages 327–338. Plenum Press, 1989.
- [Deg00] Konstantin Y. Degtiarev. System analysis: mathematical modelling and approach to structural complexity measure using polyhydral dynamics approach. *Complexity international*, 2000.
- [Fle84] Hans-Joachim Flechtner. *Grundbegriffe der Kybernetik*. Deutscher Taschenbuch VerlagG, München, 1984.
- [Gel95] Murray Gell-Mann. What is complexity? *Complexity*, 1:16–19, 1995.
- [GMC] Murray Gell-Mann and Jim Crutchfield. Computation in physical and biological systems – measures of complexity.
- [GN00] David G. Green and David Newth. Towards a theory of everything? – grand challenges in complexity and informatics. *Complexity international*, 8, 2000.
- [Gra86] Peter Grassberger. Toward a quantitative theory of self-generated complexity. *International Journal of Theoretical Physics*, pages 907–938, 1986.
- [Gre96] David G. Green. Towards a mathematics of complexity. *Complexity international*, 3, 1996.
- [KS97] Holger Kantz and Thomas Schreiber. *Nonlinear Time Series Analysis*, volume 7 of *Cambridge Nonlinear Science Series*. Cambridge University Press, 1997.
- [Llo] Seth Lloyd. Measures of complexity – a non-exhaustive list. <http://web.mit.edu/esd.83/www/notebook/Complexity.PDF>.

- [Llo97] Seth Lloyd. Universe as quantum computer. *Complexity*, 3:32–35, 1997.
- [New98] Jens Newig. *Charakterisierung von Wassereinzugsgebieten durch Komplexitätsmaße und nichtlineare Zeitreihenanalyse*. PhD thesis, Universität Bayreuth, 1998.
- [NM99] Eiichi Ryoku Nakamura and Takashi Mori. Was ist Komplexität. In Klaus Mainzer, editor, *Komplexe Systeme und Nichtlineare Dynamik in Natur und Gesellschaft*, pages 89–99. Springer, Heidelberg, New York, 1999.
- [Rät97] Christoph Rätth. *Analyse statischer Strukturen mit strukturellen Komplexitätsmaßen erster und zweiter Stufe*. PhD thesis, Ludwig-Maximilians-Universität München, 1997.
- [Sta01] Russell K. Standish. On complexity and emergence. *Complexity international*, 9, 2001.
- [Wac95] Renate Wackerbauer. *Komplexitätsmaße: Klassifikation und Anwendung auf dynamische Systeme*. PhD thesis, Ludwig-Maximilians-Universität München, 1995.
- [Wea48] Warren Weaver. Science and complexity. *American Scientist*, 36:536–544, 1948.

Weaver1948: „These new problems, and the future of the world depends on many of them, requires science to make a third great advance [...] Science must, over the next 50 years, learn to deal with these problems of organized complexity.“

Kapitel 4

Komplexe Adaptive Systeme in Organismen

Birgit Wippermann

September 2002

4.1 Einleitung

Komplexe Adaptive Systeme sind im Bereich der Organismen an vielerlei Stellen zu finden, sowohl in Form von Regelkreisen im weitesten Sinne, als auch im kognitiven und kreativen Bereich. Hier nur einige Beispiele:

- circadiane Rhythmen (z.B. Schlaf-Wach-Zyklen)¹
- Herzschlag¹
- Atmung
- Hormonzyklen
- Insulinsekretion
- Grillen, die alle im Einklang zirpen
- Glühwürmchen, die alle synchron aufleuchten
- Fortbewegungsmuster (Schrittfolgen)
- Geruchswahrnehmung¹
- Gehirnaktivität
- Immunsystem

Es ist möglich, die Systeme in zwei Gruppen zu unterteilen, in oszillatorische und chaotische Systeme, abhängig von zugrunde liegenden Verhalten.

¹wird im folgenden näher erläutert

4.2 Oszillatorische Systeme

Die Steuerung und Funktion von Organismen wird unter anderen durch eine Vielzahl von Oszillationen gesteuert. Das deutlichste Beispiel hierfür sind die circadianen Rhythmen wie etwa der Schlaf-Wach-Rhythmus, aber auch Hormonzyklen, Herzschlag, Atmung, sogar Fortbewegungsmuster lassen sich als Oszillationen beschreiben, wenn jedes Bein als ein Oszillator aufgefasst wird [8]. Ein großer Vorteil von Oszillationen ist, dass es sich dabei um einen Vorgang handelt, der relativ unempfindlich gegenüber Störungen ist. Die mathematische Analyse von Oszillationen führt (fast immer) zu Grenzyklen, das System schwingt sich also nach Störungen wieder in seinen stabilen Zustand. Dies ist beispielsweise beim Herzschlag gut zu beobachten: Nach einem Schreck, etwa durch ein unerwartetes lautes Geräusch, steigt die Herzfrequenz zunächst stark an. Der Organismus ist sozusagen in *Alarmbereitschaft*, um auf eventuelle Gefahren schnell reagieren zu können. Wenn dann jedoch kein *Handlungsbedarf* besteht, also die erhöhte Alarmbereitschaft nicht mehr notwendig ist, normalisiert sich der Herzschlag recht schnell wieder. Das System ist also wieder in seinen ursprünglichen Zustand zurückgekehrt. Offensichtlich ist es nötig, dem System sowohl kurzfristig Energie zuzuführen, beispielsweise durch die schnelle Mobilisierung von Energiereserven sowie, diese Energie auch wieder dem System entziehen zu können. Im obigen Beispiel geschieht dies etwa durch hektische Aktivität, starkes Schwitzen oder eine ähnliche Reaktion.

Oszillatorische Prozesse lassen sich in zwei Gruppen unterteilen[4]:

- Oszillationen mit frei laufender (free-running) Periode: die Schwingung ist unabhängig von äußeren Umständen und wird auch bei konstanten Bedingungen aufrechterhalten. Beispielsweise zeigen Menschen unter gleich bleibenden Bedingungen (ohne irgendeine Kenntnis der Tageszeit) einen Schlaf-Wach-Rhythmus von etwa 25, der dem durch die äußeren Umstände vorgegebenen tatsächlichen 24-Stunden-Rhythmus sehr nahe kommt.
- Oszillationen, die von einem externen Taktgeber abhängig sind und bei Fehlen dieses vorgegebenen Taktes ihren Rhythmus langsam verlieren[8]. So zeigt beispielsweise die Blaualge *Gonyaulax* ein regelmäßiges Aufleuchten, die Periodendauer liegt unter normalen Umweltbedingungen bei etwa 24 Stunden. Hält man die Blaualgen hingegen bei konstantem Dämmerlicht, so wird die Intensität des Leuchtens immer geringer, die Leuchtzyklen der einzelnen Individuen variieren zunehmend und entfernen sich (zum Teil) immer weiter von dem ursprünglichen 24-Stunden-Rhythmus. Diese Art von Oszillationen kann unter Umständen auch durch Impulse (z.B. Lichtimpulse) geeigneter Amplitude und Dauer in einen anderen Rhythmus gebracht werden, wie etwa beim Leuchtverhalten von *Gonyaulax*. [4]

4.2.1 Circadiane Rhythmen

Circadiane Rhythmen, also solche mit einer Periodendauer in der von etwa 24 Stunden, sind die wohl offensichtlichsten in der Natur vorkommenden Rhythmen, da sie durch den Tag-Nacht-Zyklus vorgegeben werden. Des weiteren finden man sie in allen Organisationsstufen, bei Ein- und Mehrzellern, Pflanzen und Tieren. Daher gehören circadiane Rhythmen zu den Prozessen, die bereits recht früh untersucht wurden, zumal sie, im Gegensatz zu den meisten anderen Rhythmen in Organismen, relativ temperaturunabhängig sind.

Zunächst einmal stellt sich die Frage: Wie werden circadiane Rhythmen gesteuert? Es ist bekannt, dass bestimmte interne Schrittmacher einen Rhythmus vorgeben [4], wobei es sich sowohl um einen Schrittmacher handeln kann, wie etwa bei der Muschel *Bulla* nur ein einziges

Neuron, als auch um mehrere voneinander getrennte Schrittmacher. Nachgewiesen wurden solche Zeitgeber bereits bei Muscheln (s.o.), Insekten, Wirbeltieren und Vögeln. Bei Wirbeltieren finden sich mehrere solche Zeitgeber. Unter anderem gibt eine Gruppe von Neuronen im Hypothalamus, den sogenannten *Suprachiasmatic Node* (SCN). Dieser zeigt auch dann eine rhythmische Aktivität, wenn die Signalverbindung zu anderen Hirnregionen künstlich unterbunden wird, so dass keine Informationen über externe Taktgeber wie den Tag-Nacht-Wechsel in diesem Hirnbereich eintreffen. Bei Vögeln kennt man unter anderem einen Schrittmacher innerhalb der Epiphyse, wobei diese Zellen sogar in einer reinen Zellkultur ihren Rhythmus beibehalten, also ohne jegliche Verbindung zu anderem umgebendem Gewebe. Es handelt sich also in beiden Fällen um eine Oszillation mit freilaufender Periode.

Die nächste Fragestellung, die sich aufdrängt ist dann: Mit welchen Mechanismen erfolgt diese Steuerung? Bisher sind zwei grundlegende Mechanismen bekannt, die durch die internen Schrittmacher beeinflusst werden:

- Transkription, also das erstellen der mRNA anhand der DNA als Vorlage, etwa das *period*-Gen bei *Drosophila* (s.u.) [1] [4]
- Proteinbiosynthese, also die Synthese von Eiweißen (und damit auch Enzymen) durch *Ablese*n der mRNA. Beispielsweise führt eine Hemmung der Proteinbiosynthese durch Anisomycin zum Verlust der circadianen Rhythmik von *Gonyaulax* [4]

Steuerung des circadianen Rhythmus bei *Drosophila*: *period*-Gen

Bei der Fruchtfliege *Drosophila* ist der Mechanismus zur Steuerung des circadianen Rhythmus recht gut bekannt. Verantwortlich hierfür sind zwei Gene, das *period*- und das *timeless*-Gen [1], wobei im folgenden nur auf das *period*- beziehungsweise *per*-Gen eingegangen wird.

Es sind vier *Drosophila*-Mutanten mit unterschiedlichen Rhythmen bekannt:

- Wildform mit 24h-Rhythmus (*per*)
- Mutante mit 19h-Rhythmus (*per^s*)
- Mutante mit 29h-Rhythmus (*per^l*)
- Arrhythmische Mutante (*per⁰*)

Durch Gentransfer kann der Rhythmus der einzelnen Mutanten verändert werden. Wird also etwa das *per^l*-Gen in ein Individuum des Wildtyps eingebracht, so zeigt dieser dann auch den langen Rhythmus von 29 Stunden (Bargiello, Jackson & Young, 1984, in [4]). Interessanterweise sind die Mutanten nicht mehr temperaturunabhängig, vermutlich, da das Zusammenwirken mit dem *timeless*-Gen verändert ist [1].

Der Rhythmus zeigt sich auf molekularer Ebene in einer Schwankung der Konzentration der *per*-mRNA, deren Verlauf nach einigen Stunden auch in der *per*-Proteinkonzentration zu sehen ist (siehe Abbildung 4.1). Offenbar hemmt das *per*-Protein also in irgend einer Form die Synthese der *per*-mRNA (wenn das Protein auch im Zellkern, also dem Ort der mRNA-Synthese vorliegt).

Bereits seit den 60er Jahren werden Modelle zur Simulation der Rhythmik von *Drosophila* erstellt, etwa von Wever 1965 und Winfree 1970 [4]. Allerdings waren die molekularen Vorgänge kaum bekannt und die Modelle wurden meistens auf den Van-der-Pol-Oszillator und somit auf Oszillationen mit Grenzyklen zurückgeführt.

Mit Kenntnis der zugrunde liegenden molekularen Mechanismen entwickelte A.Goldbeter dann das in Abbildung 4.2 dargestellte Modell [4] mit den Parametern:

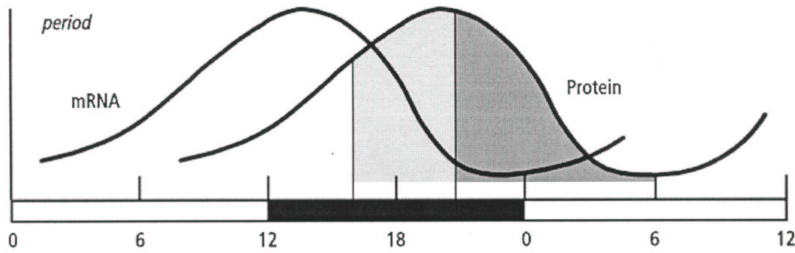


Abbildung 4.1: Zeitlicher Verlauf der *per*-mRNA- und Protein-Konzentration [1]

- PER_0 bis PER_2 : verschiedene (phosphorylierte) Formen des *per*-Proteins
- PER_n : *per*-Protein im Zellkern
- k : Geschwindigkeitskonstanten erster Ordnung
- v : Maximalgeschwindigkeiten einer Michaelis-Menten-Kinetik und negativer Rückkopplung zwischen PER_n und *per*-Transkription

Dieser Wirkungsgraph führt dann zu folgenden Modellgleichungen:

$$\begin{aligned} \frac{dM}{dt} &= v_s \frac{K_1^n}{K_1^n + P_N^n} - v_m \frac{M}{K_{m1} + M} \\ \frac{dP_0}{dt} &= k_s M - V_1 \frac{P_0}{K_1 + P_0} + V_2 \frac{P_1}{K_2 + P_1} \\ \frac{dP_1}{dt} &= V_1 \frac{P_0}{K_1 + P_0} - V_2 \frac{P_1}{K_2 + P_1} - V_3 \frac{P_1}{K_3 + P_1} + V_4 \frac{P_2}{K_4 + P_2} \\ \frac{dP_2}{dt} &= V_3 \frac{P_1}{K_3 + P_1} - V_4 \frac{P_2}{K_4 + P_2} - k_1 P_2 + k_2 P_N - v_d \frac{P_2}{K_d + P_2} \\ \frac{dP_N}{dt} &= k_1 P - k_2 P_N \\ P_t &= P_0 + P_1 + P_2 + P_N \end{aligned}$$

mit

M : mRNA-Konzentration

$P_0 - P_N$: Konzentration der verschiedenen *per*-Proteine

P_t : Gesamtkonzentration an *per*-Protein

K_t : Schwellwert

V_t : Kinase- und Phosphatase-Konstanten

Analysiert man nun dieses System, so ergibt sich nicht etwa ein Fließgleichgewicht, sondern eine Oszillation der einzelnen Komponenten. Trägt man M gegen P_t auf, so ergibt sich ein Grenzyklus (siehe Abbildung 4.3)², das System kehrt also auch nach Störungen wieder in seinen stabilen Zustand der Oszillation zurück.

²Parameterwerte für den Grenzyklus in Abbildung 4.3: $v_s = 0,76 \frac{\mu M}{h}$, $k_s = 0,38 \frac{1}{h}$, $v_d = 0,95 \frac{\mu M}{h}$, $k_1 = 1,9 \frac{1}{h}$, $k_2 = 1,3 \frac{1}{h}$, $K_t = 1 \mu M$, $K_{m1} = 0,5 \mu M$, $K_d = 0,2 \mu M$, $K_1 = K_2 = K_3 = K_4 = 2 m M$, $n = 4$, $V_1 = 3,2 \frac{\mu M}{h}$, $V_2 = 0,76 \frac{\mu M}{h}$, $V_3 = 1,58 \frac{\mu M}{h}$, $V_4 = 5 \frac{\mu M}{h}$, $V_4 = 2,5 \frac{\mu M}{h}$,

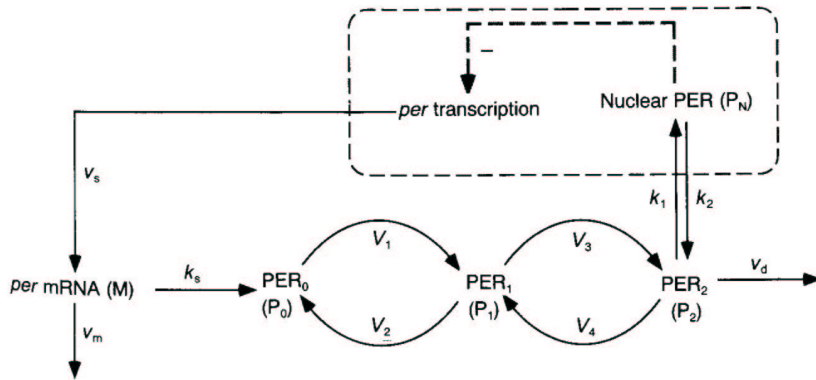


Abbildung 4.2: Modell zur circadianen Rhythmik von Drosophila

4.2.2 Gekoppelte Oszillatoren

Neben einfachen Oszillatoren finden sich in organismischen Systemen oft auch gekoppelte Oszillatoren, also mehr oder weniger viele Oszillatoren, die untereinander verbunden sind. Ein sehr populäres Beispiel hierfür sind Glühwürmchen in Südostasien, die ihre individuelle Leuchtfrequenz aufeinander abstimmen. Dies kann so aussehen, dass ganze Uferstreifen, sozusagen im Gleichtakt aufleuchten, da in den Bäumen Millionen Glühwürmchen sitzen, die alle identische Leuchtperioden haben. Synchronität ist der typische Zustand für gekoppelte Oszillatoren, möglich sind aber auch ein phasenversetzte oder asynchrone Oszillation [8].

Gekoppelte Oszillatoren findet man in der Natur recht häufig, beispielsweise:

- Glühwürmchen, die synchron aufleuchten
- Grillen, die im Gleichklang zirpen
- Schrittmacherzellen des Herzens (Sinusknoten)
- Inselzellen der Bauchspeicheldrüse (Insulinsekretion)
- Neuronale Netzwerke im Gehirn, die rhythmische Aktivitäten wie Laufen, Kauen und Atmen steuern

Versucht man nun, Systeme von gekoppelten Oszillatoren zu modellieren, so tun sich schnell grundsätzliche Probleme auf:

- Wie sieht das System der Oszillatoren aus?
 - Sind die Oszillatoren identisch
 - Ist die Kopplung stark oder schwach
 - Ist die Kopplung der Oszillatoren identisch,
 - Sind alle Oszillatoren untereinander verbunden, oder immer nur einige
 - und andere
- Ein System von gekoppelten Oszillatoren lässt sich mathematisch kaum noch analysieren, da die Wechselwirkungen untereinander immens und auch die Freiheitsgrade des Systems unter Umständen sehr groß werden.

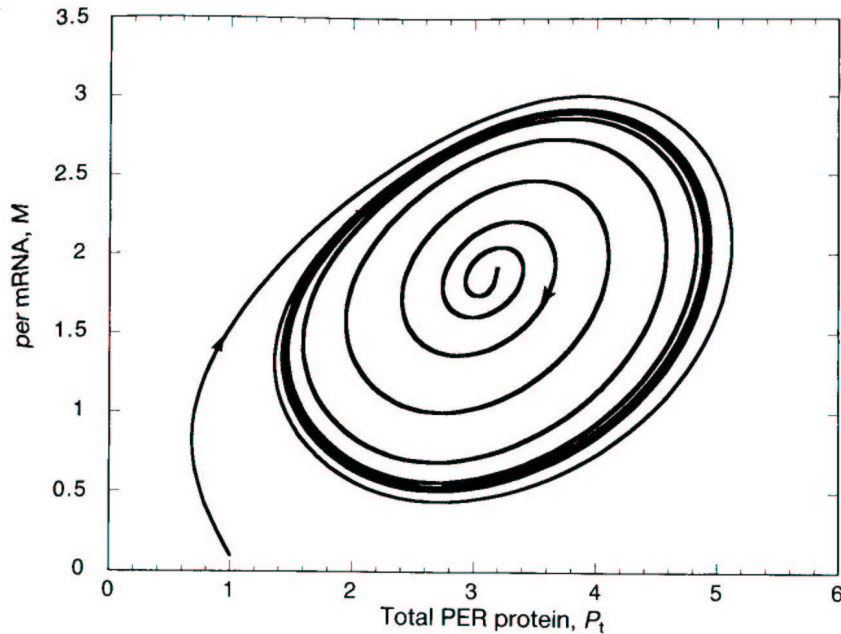


Abbildung 4.3: Oszillationen in *per*-Protein und *per*-mRNA führen zu einem Grenzyklus im (M, P_t) -Phasenraum mit den Initialwerten (in μM angegeben) $M = 0, 1, P_0 = P_1 = P_2 = P_N = 0, 25$ ($P_t = 1$), und $M = 1, 9, P_0 = P_1 = P_2 = P_N = 0, 8$ ($P_t = 3, 2$) nach [4]

Steuerung des Herzschlag

Am Beispiel der Steuerung des Herzschlags soll im folgenden gezeigt werden, wie dennoch Aussagen über solche Modelle getroffen werden können. Verantwortlich für den Herzschlag ist der Sinusknoten, eine Gruppe von etwa 10.000 Herzzellen, die einen synchronen Impuls aussenden, so dass es ausgehend vom Sinusknoten zu einer rhythmischen Kontraktion kommt, die sich über den gesamten Herzmuskel ausbreitet. Die zentrale Fragestellung ist nun: Wie synchronisieren die Zellen des Sinusknotens ihre individuellen Rhythmen?

Um dieser Frage auf den Grund zu gehen, entwickelte Peskin bereits 1975 ein sehr schematisches Modell, um die Tätigkeit des Sinusknotens zu modellieren [8]. Jeder einzelne Oszillator besteht aus einem Kondensator und einem Widerstand, die parallel geschaltet und von einer konstanten Stromquelle gespeist werden. Je größer die Spannung im Kondensator wird, desto mehr fließt direkt über den parallelen Widerstand ab, der Spannungsanstieg im Kondensator flacht also ab. Ist nun ein Schwellwert erreicht, so wird der Kondensator schlagartig über seinen Widerstand entladen. Dieser Vorgang entspricht dem *Feuern* eines Impulses einer Nervenzelle. Die Kopplung der Oszillatoren besteht darin, dass beim Feuern eines Oszillators die Spannung in den anderen Oszillatoren um einen festen Betrag erhöht wird. Des weiteren sind alle Oszillatoren untereinander verbunden.

Dies führt zu folgenden Grundgleichungen [6]:

$$\begin{aligned} \frac{dx_i}{dt} &= S_0 - \gamma x_i, 0 \leq x_i \leq 1, i = 1, \dots, N \\ x_i(t) &= 1 \Rightarrow x_i(t+1) = \min(1, x_i(t) + \varepsilon) \forall i \neq j \end{aligned}$$

mit

$$\begin{aligned}
S_0 &= \text{Schwellwert} \\
N &= \text{Anzahl der Oszillatoren} \\
\gamma &= \text{Verlust} \\
x_i &= \text{Spannung} \\
\varepsilon &= \text{Impuls aus dem Feuern eines Oszillators}
\end{aligned}$$

Peskin nahm an, dass sich dieses System immer synchronisieren wird. Das Problem war nur, dass dies mit damaligen Mitteln nicht nachzuweisen war. Allerdings konnte Peskin nachweisen, dass die Oszillatoren immer im Gleichtakt schwingen, wenn folgende Einschränkungen gemacht werden:

- nur zwei Oszillatoren
- identische Oszillatoren
- infinitesimal kleine Spannungstöße und Verlustströme

Es ergab sich dann noch das Problem, dass die Oszillatoren genau phasenversetzt feuern, wenn sie sich beide direkt am kritischen Wert befinden, allerdings bringt bereits eine winzige Störung das System zur Synchronität.

S.Strogatz und R.Mirollo griffen das Modell Ende der 80er Jahre wieder auf und machten noch einige weitere Vereinfachungen: Nur der Anstieg der Spannung die Abflachung zum Schwellwert hin sind von Bedeutung, der Rest kann vernachlässigt werden.

Diese Vereinfachungen führten dann zu folgendem Ansatz:

$X = f(\phi)$ (Spannung im Kondensator)

mit:

$$f : [0, 1] \rightarrow [0, 1], f' > 0, f'' < 0,$$

$\phi \in [0, 1]$ mit

$$\frac{d\phi}{dt} = \frac{1}{T} \quad \text{mit} \quad T = \text{Zyklusdauer} \quad (4.1)$$

$$\phi = 0 \quad \text{wenn} \quad X = 0 \quad (\text{Zyklusbeginn}) \quad (4.2)$$

$$\phi = 1 \quad \text{wenn} \quad X = 1 \quad (\text{Zyklusende}) \quad (4.3)$$

Strogatz und Mirollo konnten beweisen, dass dieses System von Oszillatoren immer synchron schwing, unabhängig von der Anzahl der Oszillatoren und für fast jede Anfangsbedingung [6]. Der Beweis soll hier im einzelnen nicht wiedergeben werden, die Grundidee jedoch ist folgende: Die Oszillatoren *absorbieren* sich sozusagen- zwei Oszillatoren, die synchron sind, bleiben es auch immer. Sie wirken dann als ein einziger Oszillator, aber mit doppelter *Feuerkraft* und können somit wieder andere Oszillatoren absorbieren.

4.3 Chaotische Systeme

Neben Oszillationen findet sich in lebenden Organismen häufig auch chaotisches Verhalten zur Ausprägung oder Steuerung bestimmter Vorgänge oder Verhaltensweisen.

4.3.1 Geruchswahrnehmung

Als ein Beispiel für chaotisches Verhalten soll im folgenden auf die Wahrnehmung von Gerüchen eingegangen werden. Beim Atmen gelangen nur wenige Duftmoleküle in die Nase und können damit auch nur sehr wenige Rezeptoren reizen. Dennoch kann bereits eine so geringe Anzahl von Molekülen sehr genau einem Duft zugeordnet werden. Es wurde lange Zeit der Ansatz vertreten, dass die Anzahl der aktivierten Rezeptoren die Intensität des Duftes und die Lage der Rezeptoren die Art des Geruches widerspiegelt. Inzwischen ist bekannt, dass nicht nur einige Rezeptoren, sondern alle an der Wahrnehmung eines Geruches beteiligt sind und ein Aktivitätsmuster erzeugen, das dem jeweiligen Geruch entspricht [2].

Diese Erkenntnisse, die W.Freeman gewonnen wurden [2] beruhen auf einer Reihe von Experimenten sowie mathematischen Analysen. Zunächst wurden Versuchstiere (Kaninchen) durch Belohnung auf einen bestimmten Geruch trainiert und dann EEGs von den Gehirnteilen abgeleitet, die an der Geruchswahrnehmung beteiligt sind (Riechkolben, Riechrinde). Freeman konnte nun beobachten, dass beim Einatmen von bekanten Duftstoffen eine sehr viel stärkere Aktivität auf den EEG-Kurven zu beobachten war, sogenannte Bursts. Dies schienen zunächst ungeordnet, mit Hilfe eines Computers konnten dann aber sogenannte Trägerwellen herausgefiltert werden, die allen *Bursts* einer EEG-Elektrode zugrunde liegen. Die Wahrnehmung eines bestimmten Geruchs basiert nun nicht auf dem Muster dieser Trägerwellen, sondern auf dem Muster der Trägerwellenamplituden über den gesamten Riechkolben. Es entstehen Aktivitätsdiagramme ähnlich den Höhenliniendiagrammen in Abbildung 4.4.

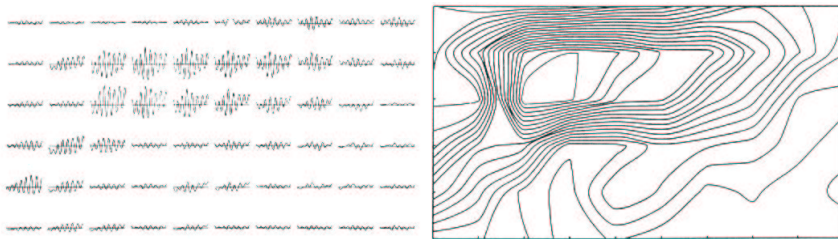


Abbildung 4.4: links: Trägerwellen der EEG-Wellen bei der Geruchswahrnehmung; rechts: Höhenliniendiagramm aus den Trägerwellen [2]

Auffällig ist, dass sich die Höhenliniendiagramme für einen Geruch ändern können. Trainiert man ein Kaninchen auf einen bestimmten Geruch, so ergibt sich ein für diesen Geruch charakteristisches Höhenliniendiagramm. Wird nun genau dieses Tier auf einen neuen Geruch trainiert, so lässt sich auch dafür ein charakteristisches Höhenliniendiagramm erstellen, das Diagramm für den bereits vorher erlernten Geruch hingegen hat sich verändert (siehe Abbildung 4.5). Dies zeigt, dass nicht nur allein neurologische Vorgänge, sondern auch die Erfahrung des jeweiligen Individuums für die Wahrnehmung eines Geruches entscheidend ist.

Auf der Basis dieser Ergebnisse entwickelte Freeman ein künstliches Riechmodell, das die in den Versuchen belegten Eigenschaften aufweist. Der Vorteil dieses künstlichen Systems ist, dass der Riechvorgang und auch die Ruhepausen wesentlich länger gewählt werden können, so dass anhand dieser künstlichen EEGs Phasenportraits des Riechens und auch der Ruhepause erstellt werden können. Diese Phasenportraits nun zeigen ein chaotisches Muster. Es scheint so zu sein, als ob das System beim Riechen schlagartig in einen anderen Attraktor springt als beim Riechen. (Dies ist möglich, da durch verschiedene Faktoren die Empfindlichkeit der an der Geruchswahrnehmung beteiligten Neuronen sehr hoch gehalten wird, so dass auch minimale Erregung durch nur wenige Duftmoleküle bereits zu einer starken Antwort der Neuronen führt, die dann wiederum weitergeleitet und unter Umständen weiter verstärkt wird.)

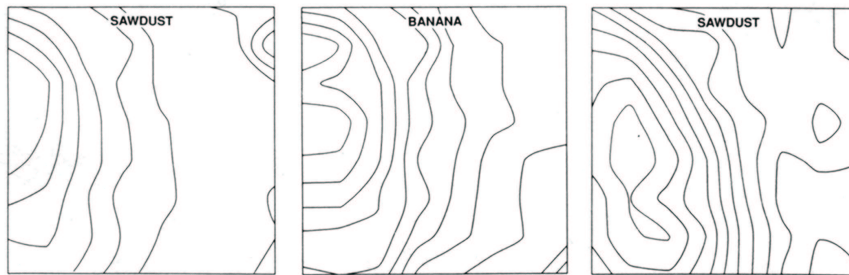


Abbildung 4.5: Aktivitätsdiagramme (Höhenliniendiagramme) verschiedener Geruchswahrnehmungen: links: erster trainierter Geruch (Sägemehl); mitte: zweiter trainierter Geruch (Banane); rechts: Diagramm der Wahrnehmung von *Sägemehl*, nachdem das Tier auf *Banane* trainiert wurde.

Es stellt sich nun die Frage, wie dieses chaotische Verhalten zustande kommt. Zunächst einmal kann man beobachten, dass die an der Geruchswahrnehmung beteiligten Gehirnteile auch dann Aktivität zeigen, wenn kein *Riechen* stattfindet, was ein Hinweis auf Selbstorganisation ist. Des Weiteren gibt es eine ganze Reihe von möglichen Erklärungen für das chaotische Verhalten, von denen aber noch keine bewiesen oder widerlegt werden konnte [2]:

- Es kommt zwischen den beiden beteiligten Gehirnbereichen zu einer Art *Tauziehen*, so dass sich beide Teile immer wieder beeinflussen und nicht zu Ruhe kommen.
- Rückkopplungsmechanismen zwischen den einzelnen Neuronen verursachen das chaotische Verhalten, da bereits erregte Neuronen beispielsweise empfindlicher auf einen neuen Reiz reagieren.
- Chaos ist eine unvermeidliche Begleiterscheinung der komplexen Aktivität des Gehirns
- Chaos als Grundvoraussetzung für kreatives Denken, da immer wieder neue Aktivitätsmuster produziert werden können

Freeman nimmt weiter an [2], dass im Gehirn bereits zahlreiche Attaktoren vorgebildet sind, die den bekannten Gerüchen entsprechen. Beim Erlernen eines neuen Geruchs kommt dann auch ein neues Aktivitätsmuster hinzu, die bereits vorhandenen Muster werden leicht verändert.

4.3.2 Chaotische Herzfrequenzen

Ein weiteres Beispiel für chaotisches Verhalten findet sich wiederum bei der Herztätigkeit. In der Medizin stehen die Ärzte häufig vor dem Problem, Krankheiten zu behandeln, die zu einer (vorübergehenden) Arrhythmie der Herzfrequenz führen.

Ein Ansatz, diese zu therapieren, liegt in dem Versuch, das chaotische Verhalten zu analysieren und dann durch gezielte *Störungen* wieder in einen stabilen Zustand zu bringen.

Es ist möglich, ein (separiertes) Kaninchenherz zunächst mit Medikamenten zu einem chaotischen Rhythmus zu bringen und dann, indem man dieses chaotische Verhalten in Echtzeit analysiert, durch Impulse zu bestimmten Zeitpunkten und in bestimmter Amplitude wieder einen stabilen Rhythmus zu erzeugen [3]. Allerdings lassen sich die in-vitro-Versuche bisher nicht auf lebende Organismen übertragen, möglicherweise gehorchen *natürliche* chaotische Frequenzen anderen Gleichungen als die im Experiment künstlich erzeugten.

Ähnliche Ansätze wie den oben skizzierten gibt es auch in der Erforschung der Epilepsie [7].

4.4 Zusammenfassung

Es gibt eine große Menge von Vorgängen in Organismen, die als komplexe adaptive Systeme aufgefasst werden können und eine noch größere Anzahl von Modellen. Eine Modellierungsmöglichkeit, auf die bisher noch nicht eingegangen wurde ist beispielsweise die Kombination von genetischen Algorithmen und zellulären Automaten, wie sie zur Simulation eines Immunsystems verwendet werden kann [5]. Es bleibt abzuwarten, welche neuen Erkenntnisse in Zukunft auf diesem Gebiet gewonnen werden, denn mit Sicherheit gibt es hier noch lange Zeit ungeklärte Fragen und bisher unbeleuchtete Blickwinkel bereits bekannter Probleme.

Literaturverzeichnis

- [1] K.-F.Fischbach, H.Gert de Couet, M.Hofbauer. Kandidaten für molekulare Schrittmacher in *Drosophila*: period und timeless In W. Seyffert Lehrbuch der Genetik, Kapitel 34 (Neurogenetik). Gustav Fischer Verlag (http://www.zum.de/neurogenetik/5_4_4.html)
- [2] W.J. Freeman. The Physiology of Perception. In Scientific American, Bd. 264, S. 34-41, Februar 1991
- [3] A.Garfinkel, M.L.Spano, W.L.Ditto, J.N.Weiss. Controlling Cardiac Chaos, In Science, Band 257, S. 1230-1235, August 1992
- [4] A.Goldbeter, M.Berridge. Biochemical Oscillations and Cellular Rhythms: The Molecular Bases of Periodic and Chaotic Behaviour Cambridge University Press, 1995
- [5] A.Grilo, A.Caetano, A.Rosa. Immune System Simulation through a Complex Adaptive System Model. In Proceedings of the 1st Workshop on Genetic Algorithms and Artificial Life. Lisboa, Portugal, 1997
- [6] R.E.Mirollo, S.H.Strogatz. Synchronisation of Pulse-Coupled Biological Oscillators. In SIAM Journal on Applied Mathematics, Bd. 50, Nr. 6, S. 1645-1662, Dezember 1990
- [7] S.J.Schiff, K.Jerger, C.H.Duong, T.Chang, M.L.Spano, W.L.Ditto. Controlling chaos in the brain. In Nature, Bd. 370, S.615-620, August 1994
- [8] S.H.Strogatz, I.Stewart. Coupled Oscillators and Biological Synchronisation. In Scientific American, Bd. 269, Nr. 6, S. 68-74, Dezember 1993

Kapitel 5

Self-Organized Criticality

Ole Bahlmann, Matthias Peußner

August 2002

Abstract

This paper gives an introduction into the theory of *Self-organized Criticality* and $1/f$ noise. In the first sections the classic sandpile model for SOC is described, followed by a model that reproduces the $1/f$ noise in the occurrence of earthquakes, known as the Gutenberg-Richter law. The fourth section deals with Conley's *Game of life* and the emergence of SOC in this model. It concludes in an important remark of Per Bak about the connection of complexity and criticality. In the fifth section an evolution model is deduced from Darwin's principles and other preceding models. These models use the image of fitness landscapes. Terms like punctuated equilibrium and self-organized criticality are introduced and described.

The last section deals with a dissipative model from physics which introduces the idea of hyper-universality. This model shows a clear $1/f$ noise independent of the dimension of the system.

5.1 Einführung in SOC

5.1.1 Anfänge von SOC

Das Prinzip der selbstorganisierten Kritikalität (SOC, self-organized criticality) wurde im Jahr 1987 von Per Bak, Chao Tang und Kurt Wiesenfeld in einem Paper vorgestellt ([BTW87]). Sie stellten SOC als eine Erklärung für $1/f$ Rauschen vor. Ein Phänomen, das in den Naturwissenschaften seit längerem bekannt war, für das aber noch keine allgemeine Theorie existierte.

Nach Bak et al befinden sich komplexe Systeme in einem stabilen, aber kritischen Zustand. Kleine Ereignisse können das System aus dem stabilen Zustand bringen und größere Veränderungen und Kettenreaktionen (auch Lawinen) auslösen. Dabei ist die Größe der Lawine umgekehrt proportional zu der Häufigkeit eines Ereignisses.

$1/f$ Rauschen tritt in vielen komplexen Systemen auf. Die bekanntesten Beispiele sind wohl Erdbeben (Gutenberg-Richter Law) und Geomorphologie (Horton's Law). Aber auch bei Vulkanausbrüchen und Lawinen, in der Evolution und der Astronomie sowie bei Verkehrsstaus kann man $1/f$ Rauschen beobachten. ¹.

¹Eine umfangreichere Liste findet sich im Internet unter <http://linkage.rockefeller.edu/wli/1fnoise/>.

5.1.2 Komplexe Systeme

SOC kann nicht das Auftreten von $1/f$ Rauschen in all diesen Beispielen erklären. SOC ist aber ein Erklärungsansatz für komplexe Systeme.

Hierzu ist zunächst eine Definition von komplexen Systemen notwendig. Bak et al haben die grundlegenden Eigenschaften von komplexen Systemen definiert, in dem sie eine Reihe von als komplex geltenden Systemen untersucht und die Gemeinsamkeiten extrahiert haben. Diese Vorgehensweise führt zu vier Merkmalen, die komplexe Systeme auszeichnen.

Komplexe Systeme:

- sind hierarchisch strukturiert
- beinhalten interagierende Agenten
- interagieren mit ihrer Umwelt
- zeigen komplexes Verhalten

Nicht alle Systeme, die diese Merkmale besitzen, zeigen aber unbedingt selbstorganisiertes Verhalten.

Umgekehrt können auch sehr einfache Systeme, die die genannten Voraussetzungen erfüllen und selbstorganisiertes kritisches Verhalten zeigen. Das klassische Beispiel, das auch Bak immer wieder verwendet, ist der Sandhaufen.

5.2 Sandhaufen-Beispiel

Ein sehr einfaches System, das selbstorganisiertes kritisches Verhalten zeigt, ist der Sandhaufen. Dabei handelt es sich um ein stark abstrahiertes mathematisches Modell eines Sandhaufens auf einem zweidimensionalen Gitter.

In diesem Gitter sind Zahlen eingetragen, die die Steigung des Haufens an diesem Punkt (der Draufsicht) anzeigen.

Lässt man jetzt Sandkörner auf den Haufen fallen, so wächst die Steigung an dem Punkt, wo das Sandkorn landet.

Für den Sandhaufen gibt es einen kritischen Wert, den die Steigung nicht überschreiten kann. Wird dieser Wert durch ein neu hinzugekommenes Sandkorn erreicht, so wird eine Lawine in Gang gesetzt. Die Zelle mit dem kritischen Wert wird zurückgesetzt, der Zahlenwert auf die umliegenden Zellen verteilt. Wird durch dieser Prozess in einer anderen Zelle ebenfalls der kritische Wert erreicht, so wird der gleiche Mechanismus dort weitergeführt.

Die Abbildung 5.1 zeigt den Ablauf einer solchen Lawine.

Als Größe einer Lawine definiert man die Anzahl der Schritte, die durch das Hinzufügen eines Sandkorns ausgelöst wird. Trägt man die Größen der Lawinen gegen die Häufigkeit, mit der sie auftreten in ein Koordinatensystem mit doppelt logarithmischen Skalen, so ergibt sich eine Gerade. Das Modell weist $1/f$ Rauschen auf.

Das System organisiert sich in einem kritischen aber relativ stabilem Zustand. Ein einzelnes Sandkorn kann an einer Stelle eine begrenzte lokale Aktion hervorrufen (die Steigung erhöhen). Landet das Sandkorn nur ein Feld weiter, löst es unter Umständen eine Lawine aus, die das ganze Gitter (den ganzen Sandhaufen) beeinflusst.

Das Modell ist somit ein Beispiel für SOC.

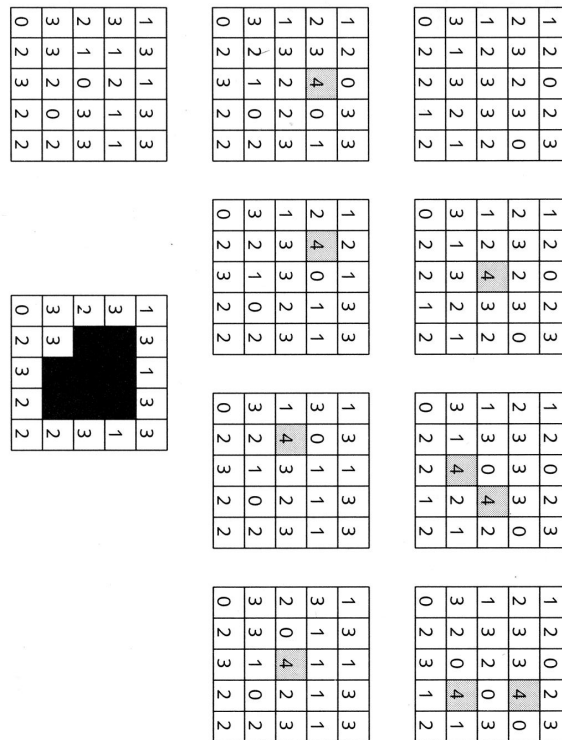


Abbildung 5.1: Ablauf einer Lawine im Sandhaufenmodell ([Bak96, S.53])

Als Reaktion auf die Veröffentlichung dieses Modells wurden zahlreiche Experimente mit echten Sandhaufen durchgeführt. Die Mehrzahl dieser Experimente bestätigten das simulierte Verhalten (vgl. [Bak96, S.65ff]).

5.3 Erbeben

5.3.1 Gutenberg-Richter Gesetz

Erdbeben sind ein bekanntes Naturphänomen, bei dem $1/f$ Rauschen auftritt.

Die Stärke von Erbeben misst man mit der sogenannten Richter-Skala. Die Richter-Skala gibt den Logarithmus des seismischen Moments, also der freigesetzten Energie, an.

Das Gutenberg-Richter Gesetz besagt, dass die Häufigkeit eines Erdbebens der Stärke M umgekehrt proportional zur Stärke M ist.

$$N(M_0) \cong M_0^{-B}, B = 1$$

Die Potenzverteilung impliziert, dass es keine typische Stärke von Erdbeben gibt. Die Tatsache, dass das Gutenberg-Richter Gesetz sowohl für kleine als auch große Erdbeben gleichermaßen Gültigkeit besitzt, deutet darauf hin, dass die physikalischen Mechanismen für kleine und große Erdbeben die selben sind.

5.3.2 Spring-Slider Block Model

Das Spring-Slider Block Model von Burridge und Knopoff (vgl. [Bak96, S.91]) in Abbildung 5.3 stellt ein einfaches Modell für die Entstehung von Erdbeben dar.

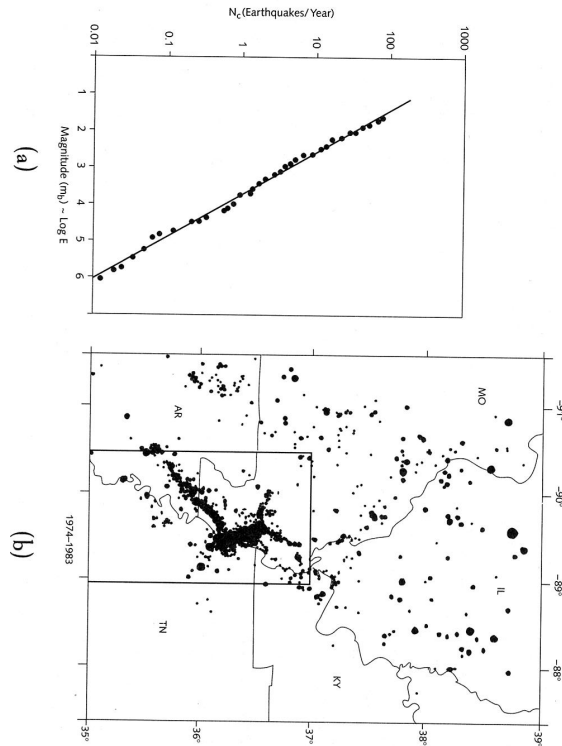


Abbildung 5.2: Häufigkeitsverteilung von Erdbeben ([Bak96, S.13])

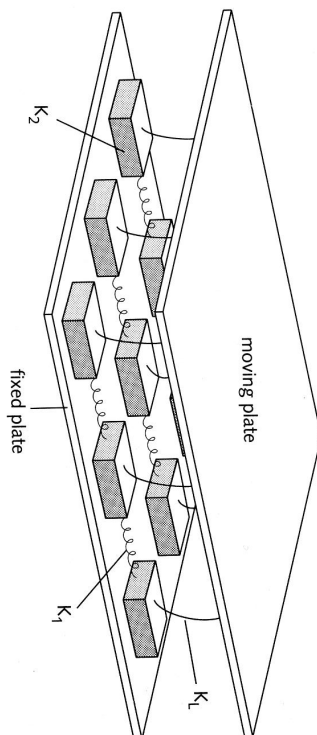


Abbildung 5.3: Konzeptzeichnung des zweidimensionalen Spring-Slider Block Models. Blattfedern (K_1) verbinden eine bewegliche Platte mit einem Netz von kleineren gleitenden Blöcken. Die Blöcke sind wiederum mit ihren nächsten Nachbarn über Spiralfedern verbunden (K_2 , K_3). Die gleitenden Blöcke haben Reibungskontakt mit einer festen Platte ([Bak96, S.90])

überträgt man dieses Model in ein Computermodell, so fallen die Ähnlichkeiten zum Sandhaufenmodell sofort auf. Die Zahlen im Gitter geben nun die Spannungen zwischen den Blöcken an. Wird eine Spannung zu groß, bewegt sich der Block und die Spannungen zu den Nachbarn erhöhen sich.

Dass auch dieses Model das in der Natur beobachtete $1/f$ Rauschen zeigt, ist damit auch sofort klar.

Nicht alle Computermodelle von Erdbeben sind in der Lage, die Verteilung nach dem Potenzgesetz widerzugeben. Modelliert man die Kollisionen der Erdplatten als elastische Stöße, so geht das SOC Verhalten verloren.

5.4 Conley's Game of life

Ein Computermodell, das weniger nah an die Realität angelehnt ist, aber trotzdem selbstorganisiertes kritisches Verhalten zeigt ist das bekannte "Game of life".

Dabei handelt es sich um einen zweidimensionalen zellulären Automaten und einen Satz von Regeln:

- Eine Zelle wechselt von leer auf belegt, wenn zu einem Zeitschritt mindestens 3 Zellen in der Moore-Nachbarschaft belegt sind.
- Eine Zelle stirbt, wenn zu einem Zeitschritt weniger als 2 Moore-Nachbarn oder mehr als 3 Moore-Nachbarn vorhanden sind.

Lässt man den Automaten laufen, so endet er nach einiger Zeit in einem relativ stabilem Zustand. Dabei verändert sich das Muster im Automaten entweder gar nicht, oder einzelne Figuren durchlaufen einen Zyklus.

Wenn man diesen Zustand jedoch stört, durch hinzufügen oder entfernen einer Zelle, so organisiert sich der ganze Automat unter Umständen komplett neu, um dann irgendwann wieder einen stationären Zustand anzunehmen. Misst man diese Zeit (die Anzahl der Schritte) und trägt sie gegen die Häufigkeit einer solchen Lawine auf, so erhält man wieder ein $1/f$ Rauschen.

Für SOC ist das "Game of life" allerdings kein gutes Beispiel, denn die Regeln des Automaten sind (von Conley unbeabsichtigt) auf SOC getuned. Conley's "Game of life" ist der einzige zelluläre Automat, der so ein komplexes Verhalten zeigt. Verändert man eine der Regeln, so zerstört man die Komplexität des Systems. Dabei geht auch das SOC Verhalten verloren.

Bak stellt auf dieser Grundlage die Behauptung auf: "Complexity is a consequence of criticality" ([Bak96, S.112]), die Komplexität des "Game of life" ist also ein Resultat der Kritikalität der Regeln.

5.5 Evolutionsmodell

5.5.1 Einleitung

In diesem Abschnitt wird das Evolutionsmodell von Bak-Sneppen vorgestellt. Dabei werden die Begriffe der *Fitnesslandschaften* sowie der des *punctuated equilibrium* (unterbrochenes Gleichgewicht) erklärt, sowie das Auftauchen von *self-organized criticality* (SOC, Selbstorganisierte Kritikalität) beschrieben. Am Anfang wird noch auf ältere sowie auf Vorläufermodelle eingegangen.

5.5.2 Modell nach Darwin

Ein Grundprinzip in der Theorie ist *survival of the fittest*. Durch zufällig Mutation der Spezies und darauf folgende Selektion des Besseren setzten sich die überlebensfähigeren Spezies durch. Darwin beschreibt eine ‚glatte‘ Evolution die allmählich und stetig zu immer besseren Spezies führt. Bei ihm haben kleine Veränderungen auch nur einen kleinen Effekt. Die Natur befindet sich zu jedem Zeitpunkt in einem Gleichgewicht. Darwin schließt sogar das Massenaussterben aus. Doch gerade die Geschichte zeigt, dass es Abschnitte gab, in der ein Großteil aller Spezies ausgestorben sind. Darwin zog als Begründung dafür externe Einflüsse wie Vulkanausbrüche oder Meteoriteneinschläge hinzu (vgl. [Bak96, S.129f]). Die Abbildung 5.4 zeigt die Prozentanzahl der ausgestorbenen Spezies über die letzten 600 Millionen Jahre. Hier sieht man sehr gut, dass es Perioden gab, in denen sehr viele, und andere in denen wenige Arten ausgestorben sind. Eine gleichmäßige Verteilung ist nicht zu erkennen.

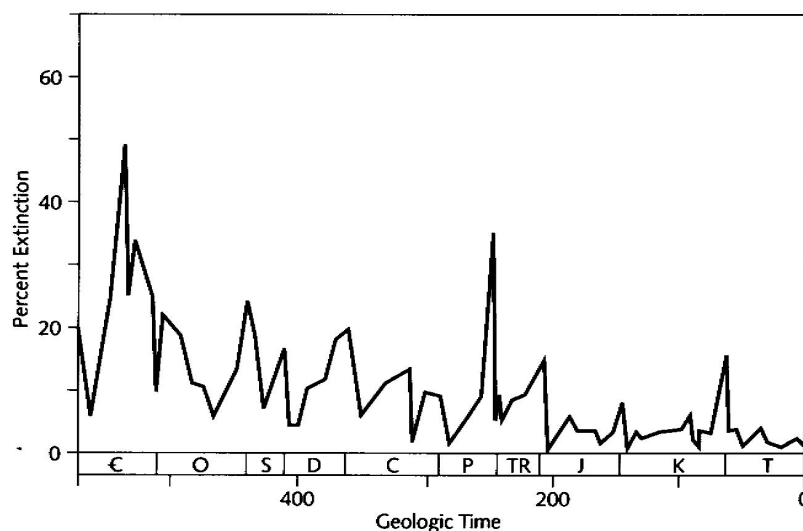


Figure 4. Biological extinctions over the last 600 million years as recorded by John Sepkoski, Jr. who spent 10 years in the library collecting the data from the fossil record. The curve shows the estimated percentage of families that went extinct within intervals of approximately 4 million years (Sepkoski, 1993).

Abbildung 5.4: Prozentzahl der Ausgestorbenen Spezies (aus empirischen Daten) ([Bak96, S.16])

In der Natur gibt es weiter Beispiel gegen eine glatte Evolution. Viele natürliche Phänomene entwickeln sich in kurzen Schüben gefolgt von Perioden der Ruhe. Dieses Phänomen beschreibt der Begriff *punctuated equilibrium*.

Die Folgerung aus den Unstimmigkeiten ist, dass man die bisherigen Modelle neu überdenken sollte und Veränderung an ihnen vornimmt bzw. neue erstellt.

5.5.3 punctuated equilibrium

Der Begriff wurde von Gould und Eldredge geprägt ([Bak96, S.167]). Er beschreibt die Evolution über die Zeit wie folgt: Lange stationäre Perioden werden von kurzen Ausbrüchen von Anpassung gefolgt. Eine Anschauung zeigt die Abbildung 5.5 welche später noch genauer erklärt wird.

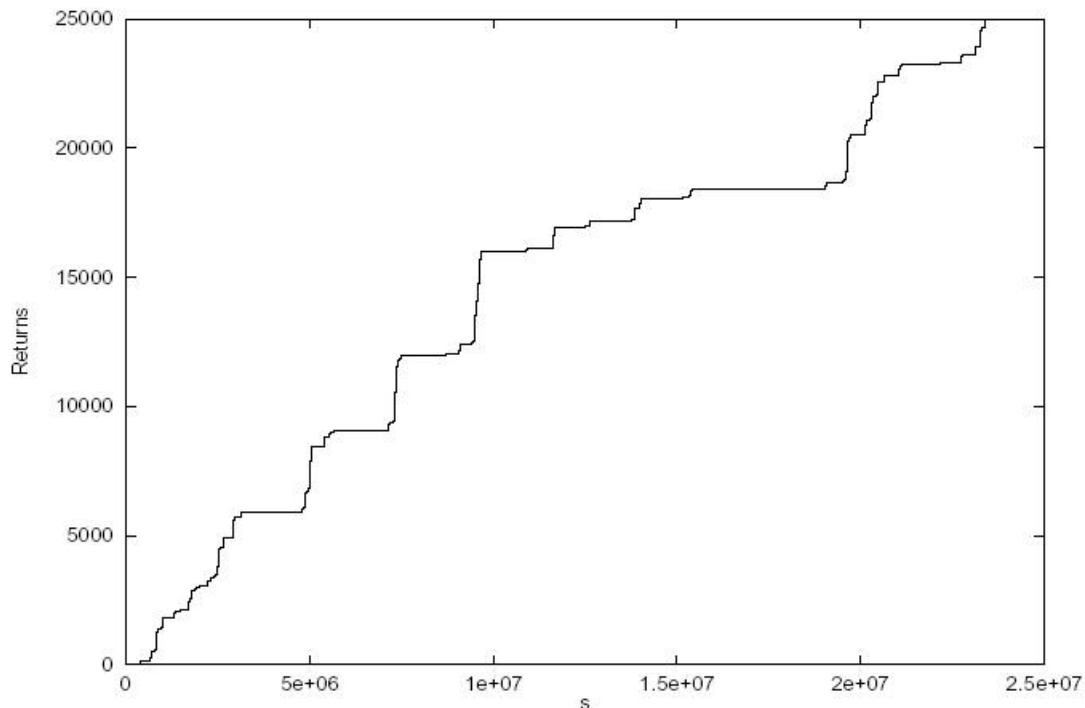


Abbildung 5.5: Die sogenannte devil's staircase ([Bak96, S.167])

5.5.4 Fitnesslandschaften

Die Metapher stammt von S. Wright ([Bak96, S.118f]). Danach wird jede Spezies durch einen Wert repräsentiert, der die Fähigkeit sich in seiner Umgebung und gegen andere Spezies durchzusetzen und zu überleben charakterisiert. Je höher der Wert, desto besser die Spezies. Der Wert könnte z.B. durch eine Funktion über ihren genetischen Code (Bitstring) errechnet werden. Eine Darstellung einer solchen möglichen Fitnessfunktion zeigt die Abbildung 5.6. Befindet sich nun eine Spezies aufgrund ihres momentanen genetischen Codes in einem Tal oder an einem Hang, versucht sie ihre Fitness zu verbessern (survival of the fittest) und erklimmt somit den nächsten Berg.

Eine Folge eines solchen Landschaftsmodells ist, dass nach einiger Zeit der Anpassung jede Spezies auf ihren nächsten Berg, dies wäre nur ein lokales Maximum und kein globales, geklettert ist und nun auf alle Zeit auf der Spitze verweilen würde, da es keine Chance hätte durch kleine Änderungen, wie sie Darwin beschreibt, auf eine noch höhere Fitnesswert zu kommen. Allgemein: Es würde ein Stillstand der Evolution eintreten, welcher aber natürlich nicht mit den Beobachtungen der Natur übereinstimmt. Deshalb wurde folgende Veränderung vorgenommen: Die Änderung der Fitness einer Spezies wirkt sich auf die Fitnessfunktion der anderen aus, so dass sich eine Spezies, vormals auf einer Bergspitze, nun in einem Tal oder an einem Hang wiederfindet, von wo aus sie wieder beginnt, den nächsten Berg zu erklimmen. Dadurch verändert sie wiederum die Funktion der konkurrierenden Spezies und so weiter. Dies führt zu immer ‚laufenden‘ Spezies ohne Ruhe. Ein fiktives Beispiel für diese Interaktion ist folgendes: Wird die Zunge eines Frosches klebriger, versucht die Fliege antihaft Beine zu entwickeln, worauf der Frosch wieder versucht seine Zunge zu verbessern.

Ein sehr bekanntes Modell, welches mit den Fitnesslandschaften arbeitet, ist das NKC-Modell von Kauffman ([Bak96, S.122f]). Es ist sehr kompliziert, da es einzelne Gene mit anderen Genen anderer Spezies verknüpfte. SOC und punctuated equilibrium traten nur unter spezielle

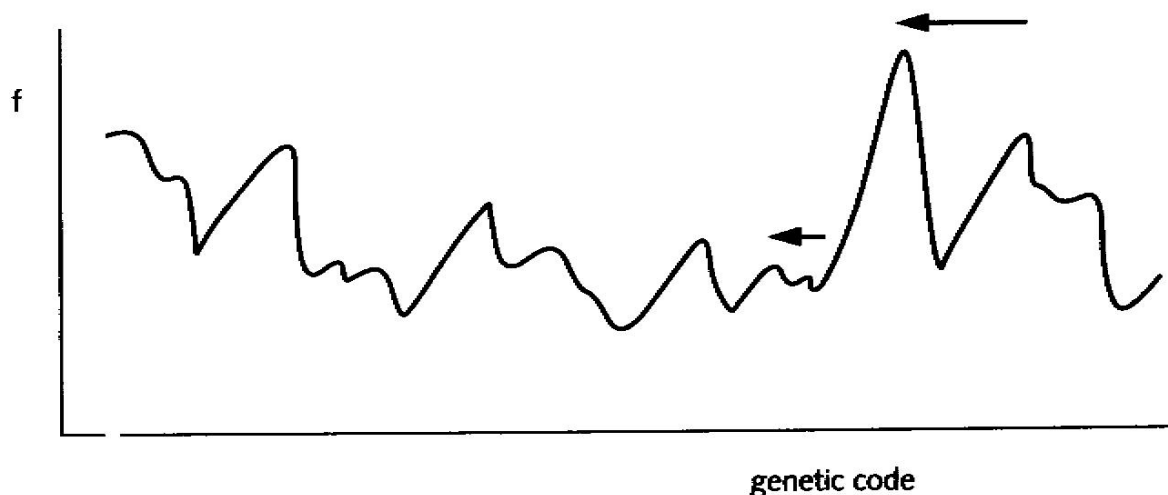


Figure 27. Sewall Wright's fitness landscape. Note that the species located at low-lying peaks have smaller barriers (valleys) to cross to improve their fitness than the species located at the high peaks.

Abbildung 5.6: Fitnesslandschaft einer Spezies ([Bak96, S.119])

getunten Bedingungen auf. Herr Bak und Herr Sneppen dachten sich, dass ein Mittelding zwischen dem statischen und den immer laufendem Modell gut wäre. Im folgenden wird das von ihnen erstellte Bak-Sneppen-Modell vorgestellt.

5.5.5 Bak-Sneppen Modell

Beschreibung und Ablauf des Modells

In diesem Modell ist jede Spezies eindeutig. Jede Spezies hat einen Wert aus dem Einheitsintervall (zwischen 0 und 1), die ihre Fitness repräsentiert. Sie wird als ein bereits erreichtes lokales Maximum in der Fitnesslandschaft interpretiert. Die Spezies sind auf einem Gitter aufgereiht. Hier wurde ein eindimensionales Gitter verwendet, welches als Nahrungskette aufgefasst werden kann. Somit agiert jede Spezies mit ihren beiden Nachbarn. Die Simulation läuft folgendermaßen ab:

Zuerst mutiert die Spezies mit der niedrigsten Fitness, bzw. anders interpretiert, sie stirbt aus und wird durch eine andere neue ersetzt. Dieses wird simulationstechnisch dadurch realisiert, dass ihr Fitnesswert durch eine zufällige Zahl, die von einer gleichverteilten Zufallsvariablen zwischen null und eins stammt, ersetzt wird. Dadurch ändern sich die Fitnesslandschaften der angrenzenden Spezies, die daraufhin wieder auf das nächste lokale Maximum ihrer Landschaft klettern werden. Diese Anpassung wird ebenfalls dadurch simuliert, dass ihnen von der selben Zufallsvariablen ein neuer Fitnesswert zugeteilt wird. Nun wird wieder die Spezies mit der niedrigsten Fitness mutiert und so weiter. Eine Animation einer solchen Simulation ist zu finden unter:

<http://www.physics.emory.edu/faculty/boettcher/BakSneppen.mov>

Beobachtungen des Modells

Nach einiger Zeit liegen alle Werte überhalb einer gewissen Schwelle, dem kritischen Wert λ_c . Für die Spezies überhalb von λ_c ist eine geringe Aktivität (Anzahl von Mutationen) zu beobachten, im Gegensatz dazu eine hohe für die unterhalb von λ_c . Nun kann man den Begriff einer Lawine wie folgt definieren. Die Größe einer Lawine ist die Anzahl der aktiven Stellen (mutierten Spezies) zwischen zwei aufeinanderfolgenden Zeitpunkten, zu denen alle Werte über einen festgelegten Werte λ_i (z.B. λ_c) liegen.

Man beobachtet Lawinen von *jeder Größe*. Weiterhin findet man ein Potenzgesetz: Für die Anzahl N der Lawinen einer Größe s gilt folgende Beziehung:

$$N(s) = s^{-\tau} \text{ mit } \tau \approx 1 \quad (5.1)$$

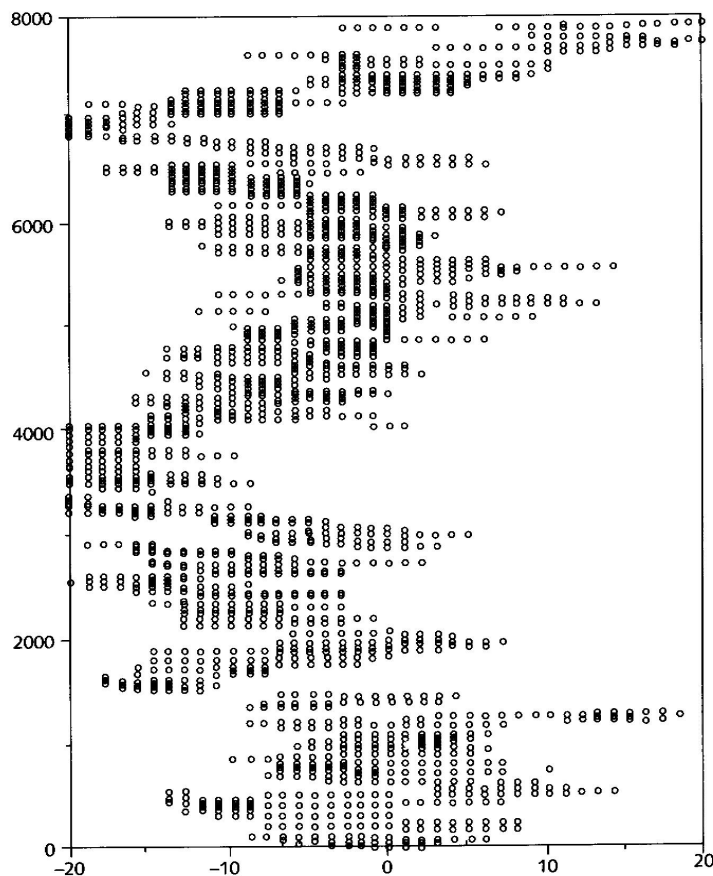


Figure 32. Activity pattern for the evolution model. For each species, the points in time where it undergoes a mutation is shown as a black dot. Time is measured as the number of update steps. The pattern is a fractal in time and space (Maslov et al., 1994).

Abbildung 5.7: Aktivitäten der Spezies im Raum-Zeit Diagramm ([Bak96, S.145])

Betrachtet man nun das Raum-Zeit-Diagramm, siehe Abb. 5.7, in dem auf der y-Achse die Zeit, auf der x-Achse die aufgereihten Spezies aufgetragen sind und jeder Kreis eine aktive Stelle (Mutation einer Spezies) darstellt, so erhält man einen Graphen der fraktal in Raum und Zeit ist. Auch hier kann man ein Potenzgesetz angeben:

$$S = R^D \quad (5.2)$$

R ist die Zahl der Spezies die im Durchschnitt nach einer großen Anzahl von Zeitschritten S aktiv waren. D ist die fraktale Dimension.

Bei der Beobachtung einer einzelnen Spezies erhält man weitere interessante Erkenntnisse. In der Abbildung 5.5 ist auf der x-Achse die Zeit, auf der y-Achse die Summe seiner Aktivitäten aufgetragen. Man erhält als Graphen die sogenannte *devil's staircase*. Sie wurde von Georg Cantor (1845-1918) eingeführt ([Bak96, S.146]). Damals dachte man, dass kein physikalisches System ein solches Verhalten zeigen kann. Ein empirisches Beispiel aus der Natur für ein solches Verhalten zeigt die Abbildung 5.8 (thoracic width of the radiolarian *Pseudocubus vema*). Dieses Evolutionsmodell gibt eine dynamische Erklärung des *punctuated equilibrium* basierend auf Darwins Grundgesetzen.

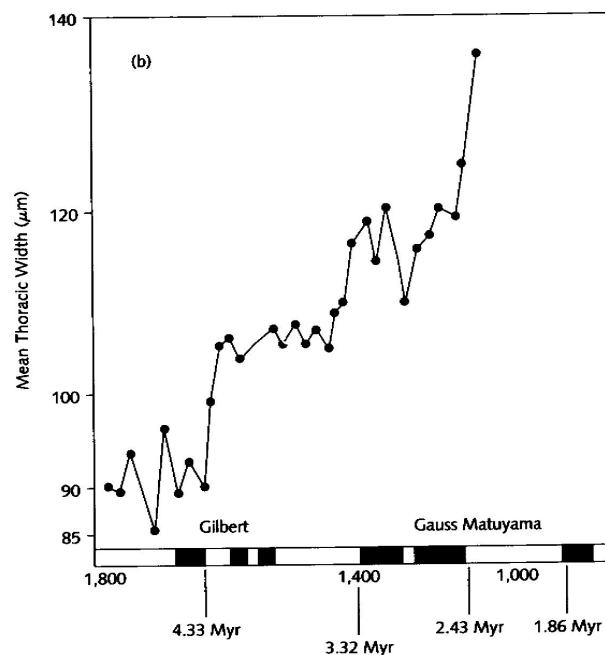


Figure 34. Punctuated equilibrium in nature. Thoracic width of the radiolarian *Pseudocubus vema* as it has increased through its evolutionary history (Kellogg, 1975).

Abbildung 5.8: thoracic width of the radiolarian *Pseudocubus vema* ([Bak96, S.147])

Nun kann man eine Realzeit einführen: Das Wechseln einer Spezies von einem kleinen Hügel (kleines lokales Maximum) in der Fitnesslandschaft zu dem nächst höheren ist mit weniger Mutationen verbunden als von einem schon hohen Berg. Die Anzahl der Mutationen die ausprobiert werden müssen wächst exponential. Somit steigt die Zeitskala auch exponentiell mit der Fitness (siehe auch Abbildung 5.6). Betrachtet man nun die Anzahl der ausgestorbenen Spezies auf der Realzeit, so erhält man den Graphen in Abbildung 5.9. Dieser hat sehr viel Ähnlichkeit mit dem empirisch ermittelten Graphen aus Abbildung 5.4

Zusammenfassung

Allgemein lässt sich folgender Satz formulieren, der vielleicht für alle richtigen SOC-Systeme zutrifft und den Charakter einer Definition hat:

Dieses System entwickelt sich unabhängig von den Anfangsbedingungen unvermeidlich (selbstorganisiert) in einen kritischen Zustand, indem die Beziehung zwischen Raum und Zeit ohne

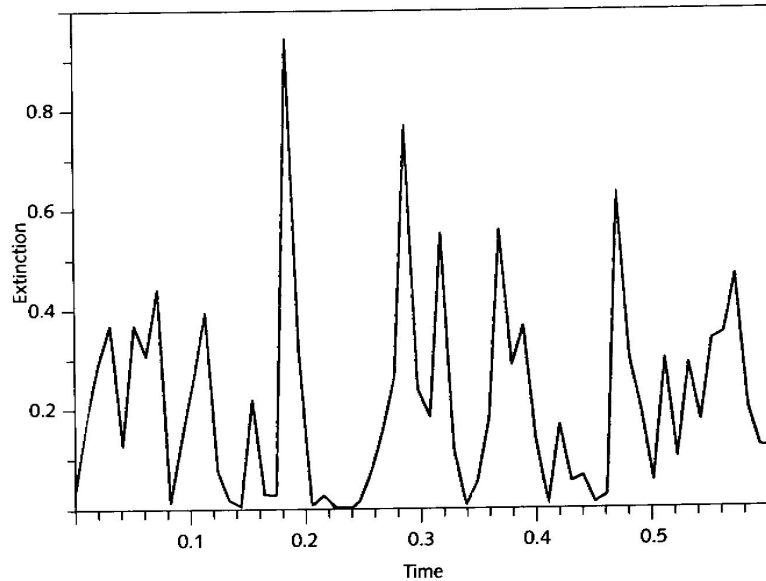


Figure 35. Synthetic record of extinction events from the punctuated equilibrium model. Note the similarity with Sepkoski's curve for real evolution (Figure 4).

Abbildung 5.9: Anzahl ausgestorbener Spezies (Simulationsdaten) ([Bak96, S.149])

jegliche typische Größe (without characteristic scale) außer der Systemgröße selbst (hier: Anzahl der Spezies N) verteilt sind. (D.h. es gelten Potenzgesetze.) [Bak96]

5.6 Dissipatives Modell aus der Elektrizität/ Hyperuniversalität

5.6.1 Einleitung

Die Spannung U , die an einem Widerstand R anliegt, erzeugt einen Stromfluss im Widerstand mit der Stärke I . Dieser gehorcht dem Ohmschen Gesetz $U = RI$. Wenn man genauer hinsieht, unterliegt die Spannung aber einem Rauschen. Man findet das $1/f$ -Rauschen. Nun wollten Paolo De Los Rios und Yi Cheng Zhang ein Modell erstellen, dass genau ein exaktes $1/f$ -Rauschen und nicht nur ein $1/f^\alpha$ -Rauschen zeigt, welches unabhängig von der Dimension des Systems und seiner Größe ist. Diese Unabhängigkeit wird als *hyperuniversal* bezeichnet.

5.6.2 kontinuierliche Erweiterung des Sandhaufenmodells

Der Zustand x_i einer Stelle i kann jetzt kontinuierliche Werte annehmen und kann als Energie interpretiert werden. Ein Wert x_i wird nun durch eine zufällig Zahl ε erhöht: $x_i(t+1) = x_i(t) + \varepsilon(t)$. Überschreitet x_i einen kritischen Wert x_c , so wird x_i zu null und die Energien werden folgendermaßen auf die Nachbarn verteilt: $x_j(t, \tau+1) = x_j(t, \tau) + \frac{x_i(t, \tau)}{2d}$. Dabei ist d die Dimension des Modells. Hier: $d = 1, 2$. Hierbei tritt noch keine Dissipation auf. Die Zeitvariable τ beschreibt den Verteilungsprozess der Energien kritischer Stellen, der wesentlich schneller abläuft als das Anwachsen der Energie, beschrieben durch t . Bei der Verteilung kann wiederum ein x_i den

kritischen Wert überschreiten. Dann geht die Verteilung weiter, bis alle x_i kleiner x_c sind.

5.6.3 Beobachtungen

Die Energieverteilungen hat Peaks mit den Werten $0, \frac{x_c}{2d}, \frac{2x_c}{2d}, \dots, \frac{(2d-1)x_c}{2d}$. Die Verteilung der Lawinen, gemessen nach ihrer Dauer τ , gehorcht einem Potenzgesetz. Weiterhin erhält man Potenzgesetze („long-range correlations“) in Zeit und Raum. Folglich handelt es sich auch um ein SOC-Modell. Für die Gesamtenergie $X(t) = \sum_i x_i(t)$ findet man auch ein Potenzgesetz. Jedoch hängen die Exponenten noch von der Systemgröße ab. Man erhält nur ein $1/f^\alpha$ -Rauschen mit $\alpha \neq 1$.

5.6.4 zusätzliche Erweiterung

Die Energie wird jetzt nur noch auf einer Seite hinzugefügt. Sie muss sich nun durch das Feld ‚hindurchbewegen‘. Dies entspricht der Funktion einer (Strom-)Leitung. Weiterhin wird Dissipation, also Energieverlust, eingeführt: $x_j(t, \tau + 1) = x_j(t, \tau) + \frac{x_i(t, \tau)}{2d}(1 - \alpha)$.

Die Folge der Einführung der Dissipation ist, dass keine Potenzgesetze mehr herrschen. Allgemein: *Dissipation zerstört SOC*. Jedoch die selbst-organisierenden Eigenschaften wie die Quantisierung der Energielevels bleiben erhalten.

Untersucht man das Energiespektrum $X(t)$, findet man ein klares $1/f$ -Rauschen über 3 Dekaden. Siehe hierzu die Abbildung 5.10. Wichtig hierbei ist, dass die Verteilung von ϵ eine Gleichverteilung zwischen null und ϵ_{max} mit $\epsilon_{max} \gg 0$ ist. Bei zu geringer Dissipation (kleines α) gerät man wieder in die ‚Nähe‘ zum SOC-Modell ohne klares $1/f$ -Rauschen. Das $1/f$ -Rauschen des Energiespektrums $X(t)$ erhält man durch eine Superposition der lokalen Energiespektren, welche ja trotz Dissipation erhalten blieben.

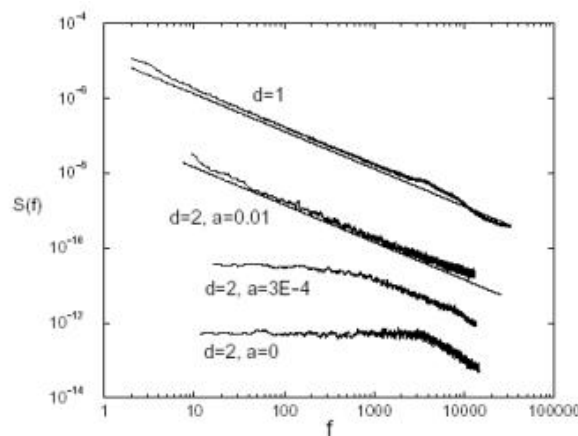


FIG. 1. Log-log plot of the power spectrum of $X(t)$ in $d = 1$ and $d = 2$. The straight lines are $1/f$ power laws drawn for reference. The system size used for the $d = 1$ simulations is $L = 100$, with $\epsilon_{max} = 10$ and $a = 0.03$; $d = 2$ simulations are performed with $L = 100$, $\epsilon_{max} = 1$ (energy is added on all the sites x_{0j} , for a maximum possible energy injection of 100) and $a = 0.01$. For comparison, we also add the $d = 2$ power spectrum with a much smaller dissipation ($a = 0.0003$, but with the same size and energy injection regime as before) that shows crossover between clean $1/f$ behavior, and the behavior in the absence of dissipation (lowest curve) that clearly shows no sign of $1/f$ behavior.

Abbildung 5.10: Log-log Graph des Energiespektrums ([Rio99])

5.6.5 Bemerkungen und Zusammenfassung

Die folgenden Bemerkungen stammen von *De Los Rios* und *Zhang*. Aus physikalischer Sicht gibt es viele Ursprünge (neben der Dissipation) die den gleichen Effekt haben und zu dem $1/f$ -Rauschen führen. Aus dieser Sicht könnte man das in der Natur weitverbreitete Vorkommen dieses Rauschens deuten.

Das obige Modell (1dim sowie 2dimensional) zeigt die geforderte Hyperuniversalität; ein klares $1/f$ -Rauschen, welches unabhängig von der Systemgröße ist. Das klare $1/f$ -Rauschen stammt von der Superposition von Energiespektren mit charakteristischen Frequenzen, die passend räumlich verteilt sind. Die passende Verteilung bringt das System hervor und ist kein Input.

5.7 Abschluß

SOC ist eine Theorie, die in kurzer Zeit sehr populär geworden ist. Vielleicht glauben einige Verfechter, dass SOC aufgrund der Universalität eine Antwort auf alles geben wird. Doch es ist vielleicht noch zu früh um zu entscheiden welche Rolle SOC in der wissenschaftlichen Weiterentwicklung einnimmt.

Zum Schluß möchte ich mit einem Zitat enden:

Qui donc peut calculer le trajet d'une molécule?
Que savons-nous si des créations de mondes ne sont
Point déterminées par des chutes de grains de sable?

Who could ever calculate the path of a molecule?
How do we know that the creations of worlds are
Not determined by falling grains of sand?

Victor Hugo, Les Misérables

Literaturverzeichnis

- [Bak96] Bak, P. (1996). *How nature works. The science of self-organized criticality*. Springer-Verlag, New York.
- [BaB97] Bak, Per , Boettcher, Stefan (1997). *Self-Organized Criticality and Punctuated Equilibria* arXiv:cond-mat/9701157v1 (http://xxx.lanl.gov/PS_cache/cond-mat/pdf/9701/9701157.pdf)
- [BTW87] Bak, P., Tang, C., Wiesenfeld, K. (1987). *Self-Organized Criticality. An Explanation of $1/f$ noise*. Physical Review Letters 59 (1987) 381).
- [Rio99] De Los Rios, Paolo , Zhang, Yi-Cheng (1999). *Universal $1/f$ Noise from Dissipative Self-Organized Criticality Models* Physical Review Letters, Volume 82, Number 3

Kapitel 6

Metaphern und Modellierung evolutionärer Prozesse

Dominik Reusser, Frank von Walter
September 2002

there is a theory, which states,
that if ever anyone finds out exactly
what the universe is for, and why it is here
it instantly will be replaced
by something even more bizarre and inexplicable.

– there is another theory which states,
that this has already happened.

DOUGLAS ADAMS: THE RESTAURANT AT THE END OF THE UNIVERSE

Zusammenfassung

In unserer Umwelt gibt es unzählige, komplexe Systeme, die sich über die Zeit weiterentwickeln, die evolvieren. In dieser Arbeit werden zwei unterschiedliche Ansätze der theoretischen Evolutionsdynamik vorgestellt. Die eine dieser Theorien stammt von Stuart Kauffman und basiert auf sogenannten Bool'schen Netzwerken. Die andere wurde von David Bella entwickelt und stützt sich auf Verhaltensnetze. Aber nicht nur das theoretische Gerüst, sondern auch die Anwendung der Theorien anhand konkreter Beispiele wird vorgestellt.

Die beiden Theorien lassen folgende allgemeine Aussagen über evolvierende Systeme zu: Die Geschichte der bisherigen Entwicklung (und aufgetretenen Störungen) ist wichtig für die momentane Lage des Systems. Es herrscht eine gewisse Unvorhersagbarkeit oder Blindheit ge-

genüber den ablaufenden und zukünftigen Prozessen. Zudem sind Prozesse der self-organized Criticality von Bedeutung. Diese Aussagen sind aufgrund der sehr unterschiedlichen Theorieansätze sehr allgemein gehalten. Deshalb sollen im Folgenden auch Phänomene aufgezählt werden, die konkret erklärt werden. Der Anfang des Lebens als katalytisches Netzwerk, die anfängliche Masse an unterschiedlichen Organismen, die später kleiner wurde (über die ganze Evolutionsgeschichte betrachtet), der Ablauf technischer Entwicklungen, die Verbilligung von Produkten durch große Stückzahlen, die Zahl verschiedener Zelltypen in Lebewesen und das Auftreten technischer Katastrophen sind alles Phänomene, die durch die zwei Ansätze besser verstanden werden.

Zusätzlich wird aufgezeigt, warum die aus den Modellen abgeleiteten Metaphern (kleine Gedankenbilder, welche eine Eigenschaft eines Systems bildlich wiedergeben) nützlich sind. Es wird vermutet, daß diese insbesondere dann helfen, wenn neu gewonnenes, theoretisches Wissen in konkreten Situationen angewendet werden soll.

Abstract

There are countless complex systems in the human environment. They are evolving over time. The aim of this paper is to present theoretical statements, that can be made about evolutionary dynamics based on two quite different approaches. The first one is from Stuart Kauffman. It is based on boolean networks. The second one was developed by David Bella who uses behavioral loops to describe complex social systems. Besides the theoretical framework of the two approaches, application to specific examples will be presented.

Both theories lead to general statements about evolutionary systems: The specific path of the previous development (including disorders) is important to understand the current state of the system. To some extent, it is impossible to predict upcoming processes and there is a certain „blindness“ towards ongoing mechanisms. Moreover, occurring events often have properties, which match the definition of self organized criticality. Due to the great differences between the two theories, these statements are very general. Therefore specific phenomena explained by the two theories, are listed here. These are the beginning of life as a catalytic network, the huge variety of organism shortly after the first appearance of life decreasing over time of evolution, the development of technical items starting out with big variations and tending towards consistent properties, decreasing cost of production with increasing numbers of produced goods, the number of cell types in organisms, and the occurrence of technical disasters. Additionally it will be discussed how results gained from the two models could be even more useful by representing them as metaphors. The expression „metaphors“ will therefore be used to refer to descriptions, that illustrate the results. Metaphors are expected to facilitate the transfer of knowledge from a theoretical level to the level of application during specific tasks.

6.1 Einleitung

Aus der bisherigen Diskussion ging hervor, daß Komplexität nicht eindeutig definiert und nur schwer faßbar ist. Trotzdem wird oft über komplexe Systeme gesprochen und geschrieben. So wird von lebenden Zellen über mehrzellige Lebewesen bis hin zur Gesellschaft vieles als komplex bezeichnet. Dabei ist es oft wichtig, wie sich diese Systeme über die Zeit verändern und wie sie fortschreiten. Die *Evolution* in komplexen Systemen kann von verschiedenen Richtungen aus untersucht werden. In der vorliegenden Arbeit soll nun insbesondere auf zwei Ansätze eingegangen werden, die generelle Aussagen über die Evolution komplexer System zulassen.

Aber nicht nur generelle Aussagen, sondern auch die Anwendung auf konkrete Beispiele soll dargestellt werden.

Der erste Ansatz basiert auf *Bool'schen Netzwerken*, womit vernetzte Systeme mathematisch abgebildet werden können. Stuart A. Kauffman beschäftigte sich viel mit Bool'schen Netzwerken. Wie sich herausstellte, ist es ein Modell, das sich vorzüglich dazu eignet, Komplexität mit einfachen Mitteln zu simulieren. Tatsächlich lassen sich viele Prozesse und Interaktionen auf ein idealisiertes Bool'sches Netzwerk zurückführen.

Da Kauffman für das etwas populärwissenschaftlich geratene Buch „At Home in the Universe“ [7] Kritik entgegengebracht wurde, stellt er seine Forschung in „The Origins of Order“ [8] fundierter dar. Eine der Grundthesen ist, daß das Leben nicht zufällig entstanden ist, sondern vielmehr eine Manifestation eines komplexen, biochemischen Wirkungsgefüges ist und daß lebendige Systeme mit einem großen Maß an Selbstorganisation, eine höhere Ordnung aufweisen. Diese Thesen versuchte er mit Hilfe Bool'scher Netzwerke und dem NK-Modell zu untermauern. Aber nicht nur in der Biologie findet seine Theorie Anwendung. Vor allem die Aussagen, die er über Koevolution getroffen hat, werden in den Sozialwissenschaften und Wirtschaftswissenschaften weiterentwickelt. (siehe dazu z.B. SCHUNK, Daniel in diesem Band). Stuart Kauffman selbst leitet heute eine Consultingfirma, die nach seinen Prinzipien Firmen berät.

Der zweite Ansatz stammt von David Bella und basiert auf *Verhaltensnetzen*. Sie sind eine Möglichkeit, um positive Rückkopplungen in komplexen Systemen mit Hilfen von gerichteten Graphen anschaulich darzustellen. Daraus lassen sich dann evolutionäre Dynamiken ableiten (vergleiche auch Kapitel 6.2.3).

Bei Bellas Ansatz geht es darum, die Dynamik eines Systems als ganzes zu untersuchen und zu verstehen. Sein Ansatz ist geeignet, sich auf größere Zusammenhänge zu konzentrieren und sich nicht in Details zu verlieren. In seinen Unterlagen zur Vorlesung „Contemporary Technology“ [2] vergleicht er seine Methode der relationalen Beweisführung mit der gängigen wissenschaftlichen Praxis der analytischen Beweisführung. Er zeigt Zusammenhänge auf, wie sie zwischen der Informationsverzerrung in Firmen und der Explosion der Challenger Rakete bestehen.

Im folgenden sollen die beiden Ansätze darauf untersucht werden,

- WIE die Modelle grundsätzlich aufgebaut sind.
- WELCHE Phänomene sich damit modellieren und erklären lassen.
- IN WIE WEIT getroffene Vereinfachungen zulässig sind.
- WELCHEN Gewinn man mit einfachen Modellen, wie diesen erzielen kann.

Aber nicht nur die Modelle und die daraus abgeleiteten Resultate sind von Interesse, sondern auch wie die neuen Erkenntnisse weiterverwendet werden und wie daraus am besten gelernt werden kann. Diese Frage soll im folgenden Unterabschnitt ausführlicher behandelt werden.

6.1.1 Metaphern

Außer der Frage, wie komplexe Systeme in Modellen abgebildet werden, interessiert insbesondere, wie das menschliche Gehirn mit komplexen Systemen umgeht. Es interessiert also, was wir über die Möglichkeiten des Gehirns wissen, auf Komplexität zu reagieren. Indem wir diese Frage beantworten, werden wir feststellen, daß ein wichtiger Teil der vorgestellten Modelle darin besteht, welche neuen Vorstellungen wir über komplexe Systeme erhalten. Also nicht wie das genaue mathematische Vorgehen ist, sondern welche Metaphern wir uns im Anschluß an die Modellierung entwickeln.

Die Suche nach einer Antwort soll mit der Frage beginnen, was typischerweise benötigt wird, um ein komplexes System zu erfassen und zu verstehen. Man kann sich auf die folgenden drei Punkte einigen, auch wenn der Komplexitätsbegriff an sich sehr viele unterschiedliche Definitionen hat. (Mehr zur Bewertung von Komplexität bei FELLERMANN, Harold in diesem Band.)

- Komplexe Systeme haben oft viele Einflußfaktoren, die im (mentalen) Modell berücksichtigt werden müssen.
- Einschlägige (mentale) Modelle sollten idealerweise robust gegen fehlende Daten sein.
- Ein (mentales) Modell sollte Widersprüche vereinigen können.

Neuste Erkenntnisse aus der Persönlichkeitspsychologie zeigen, daß es im Gehirn einen Bereich gibt, der genau diese aufgezählten Fähigkeiten besitzt. J. Kuhl [10] nennt diesen Teil des Gehirns das *Extensionsgedächtnis*. Es ist der Ort, an dem die menschliche Selbstrepräsentation stattfindet. Bisherige Erlebnisse werden dort sowohl untereinander als auch mit der momentanen Situation verknüpft. Aus dieser Abstimmung der Persönlichkeit (im Extensionsgedächtnis „erzeugt“) mit der momentanen Situation wird dann eine sinnvolle Handlung abgeleitet. Um sinnvolle Handlungen auszuwählen, muß das Extensionsgedächtnis viele Einflußfaktoren (bisherige Erlebnisse) berücksichtigen können. Dies erfolgt jedoch nicht durch sequentielle Abarbeitung, sondern durch parallel-ganzheitliche Verarbeitung. Das heißt, daß nicht jeder einzelne Punkt explizit verarbeitet werden muß, um in eine Entscheidung einzugehen. Das Extensionsgedächtnis ist auch robust gegen fehlende Daten. Man muß zum Beispiel nicht alle Einzelheiten kennen, um in einer Situation sinnvoll entscheiden zu können. Außerdem ist das Extensionsgedächtnis auch das geeignete System, um Widersprüche zu vereinigen. So kann beispielsweise eine Person auch eingeschätzt werden, wenn diese widersprüchliche Verhalten zeigt. Wichtig ist, daß das Extensionsgedächtnis für die genannten Fähigkeiten schneller arbeitet, als wenn dies durch sequentielles, analytisches Denken erreicht werden soll. Für mehr Einzelheiten über das Extensionsgedächtnis sei auf J. Kuhl verwiesen [10].

Wenn nun also das Extensionsgedächtnis ideal scheint um komplexe Systeme zu „verstehen“ , interessiert natürlich die Frage, wie Entscheidungen aus dem Extensionsgedächtnis abgerufen und Informationen ins Extensionsgedächtnis „eingespeist“ werden können. Da das Extensionsgedächtnis so eng mit der Persönlichkeit und den Erfahrungen verknüpft ist, leuchtet es ein, daß *persönliche Schilderungen* aus dem Extensionsgedächtnis abgerufen werden. Im Allgemeinen könnte man diesen Abrufprozeß eher mit dem Begriff „Nachfühlen“ als mit dem Begriff Nachdenken umschreiben. Wie aber gelangt zu verarbeitende Informationen ins Extensionsgedächtnis? Offensichtlich gehen Erfahrungen ins Extensionsgedächtnis ein (sie sollen anschließend abrufbar sein). Da Erfahrungen die beste Datenquelle für das Extensionsgedächtnis darstellen, scheint Modellbildung mit partizipativen Methoden eine vielversprechende Methode, um komplexe Systeme hinreichend zu erfassen. Denn wer hat mehr Ahnung von einem System als die Leute, die ihm täglich ausgeliefert sind? Da das Sammeln von Erfahrungen immer viel Zeit beansprucht, wäre jedoch eine schnellere Methode wünschenswert. Ganz nahe an eigene Erfahrungen kommen Geschichten über Erfahrungen anderer. Werden diese noch etwas abstrahiert, entstehen Metaphern, also kleine Geschichte, die Zusammenhänge bildlich darstellen. Solche Metaphern scheinen nahe genug an eigenen Erfahrungen, um ins Extensionsgedächtnis einzu-gehen.

Wir haben nun also ausgehend von der Frage, welche Fähigkeiten notwendig sind, um komplexe Systeme zu verstehen, festgestellt, daß neben den quantitativen Resultaten, welche ein Modell

liefert, insbesondere auch die Metaphern wichtig sind, welche aus diesen Resultaten abgeleitet werden können. Diese Metaphern gehen dann als eine Art „schwache Form von Erfahrung“ in komplexe Entscheidungsprozesse ein. Aus diesem Grund sollen die im Folgenden vorgestellten Modelle nicht nur auf die gelieferten Resultate, sondern auch die daraus abgeleiteten Metaphern untersucht werden. So wird sich zum Beispiel zeigen, daß evolutionäre Prozesse einer blinden Suche gleichen. Beim aufmerksamen Lesen sind noch viele andere Metaphern zu entdecken.

6.2 Modelle

Doch zunächst wollen wir auf die formale Beschreibung der verwendeten Modell eingehen. Es wird sich zeigen, daß auch einfache Modelle wie diese, den Anspruch erheben können, komplexes Verhalten wie Chaos, Ordnung und Selbstorganisation abzubilden. Dies ist ein erster Schritt, um die treibenden Kräfte der zu beschreibenden Systeme zu verstehen.

6.2.1 Bool'sche Netzwerke

Bool'sche Netzwerke und das NK-Modell basieren auf der Annahme, daß Ausprägungen einer gewissen Eigenschaft andere beeinflussen. Dabei können diese Ausprägungen sich selbst verstärken oder sich gegenseitig hemmen.

Ist die Wahl einer Eigenschaft festgelegt, verringern sich die Auswahlmöglichkeiten für die anderen. Entscheide ich mich beispielsweise, statt mit dem Zug, mit dem Fahrrad nach München zu fahren, sinken die Ausgaben für eine Fahrkarte, aber ich brauche dafür auch ein paar Tage mehr Zeit und muß vielleicht Geld für Übernachtung und Wundsalbe einplanen.

Zunächst ist es ausreichend, davon auszugehen, daß Eigenschaften nur zwei Ausprägungen haben. Also mit einem einzigen Bit, das entweder an- oder ausgeschaltet ist, modelliert werden können. Um die Erbse von Mendel zu beschreiben, würden demnach zwei Bits ausreichen (*faltig - glatt grün - gelb*).

Später werden wir für komplexere Modelle die Einschränkung der binären Kodierung auf eine symbolische bzw. dezimale Repräsentation erweitern. (Schon bei dieser Umsetzung werden Metaphern verwendet!) Entscheidend ist nun, daß und wie die möglichen Kombinationen miteinander verdrahtet sind und sich gegenseitig beeinflussen können. Formal gesehen ist das ein ungerichteter Graph, wobei die Knoten die Eigenschaften und die Kanten deren Einflüsse darstellen.

Für diesen ungerichteten Graph, könnte man nun den Begriff „Bool'sches Netzwerk“ verwenden, eine andere und vielleicht geläufigere Bezeichnung wäre „zellulärer Automat“ (CA).

Schon mit zellulären Automaten hat sich gezeigt, daß ein Modell, das nur aus drei Regeln besteht, stark genug ist, um ein lebendiges System (mit allen Eigenschaften die man von diesen Systemen erwartet, wie Stabilität, Schwingungen, Selbsterzeugung, Bewegung) zu erzeugen (*Cornway's Game of Life*).

Tatsächlich sind zelluläre Automaten eine Sonderform von Bool'schen Netzen. Der Unterschied von Bool'schen Netzen zu zellulären Automaten ist nun, daß die Zellen im Bool'schen Netz keinen eindeutigen räumlichen Bezug haben und daß jeder Knoten eine unabhängige Funktion besitzt (sich also „individuell“ verhält.)

Abbildung 6.1 (Seite 74) zeigt ein Beispielnetzwerk. Die Knoten haben zwei Zustände ON/OFF, O/ 1), und bool'sche Funktionen bestimmen, wie sie auf den Eingangswert, d.h. auf die Zustände von den zulaufenden Knoten reagieren. Für die OR-Funktion bedeutet dies:

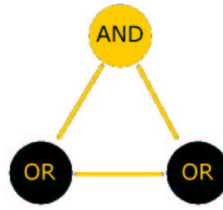


Abbildung 6.1: Einfaches Bool'sches Netzwerk

K_1	K_2	K_3
0	0	0
0	1	1
1	0	1
1	1	1

Tabelle 6.1: OR-Funktion im Beispiel-Netzwerk

In Tabelle 6.1 (Seite 74) ist K_3 der Knoten, den ich betrachte. K_1 und K_2 sind über die Kanten mit K_3 verbunden. Sind sowohl K_1 , als auch K_2 aus, so schaltet sich auch K_3 auf 0 (bzw. „aus“).

Diese vorgestellten Eigenschaften lassen sich noch ein wenig Formalisieren. Das Verhalten von Bool'schen Netzwerken läßt sich mit wenigen Parametern beschreiben:

- Anzahl der Knoten \mathbf{N}
- Verknüpfungsgrad \mathbf{K}
- Funktionen \mathbf{P}

Zunächst werden wir auf die Bedeutung der einzelnen Parameter eingehen (nächster Abschnitt), einige Muster die auftreten und von besonderer Bedeutung sind beschreiben wir im Abschnitt 6.2.1. Im Abschnitt 6.3.1 wird uns die Anschauung von enzymatischen Katalyse-Netzen näher beschäftigen.

Parameter eines Bool'schen Netzwerkes

Anders als WOLFRAM, der versucht hat das Verhalten von zellulären Automaten anhand ihrer Zustandsänderungen in der Zeit zu beschreiben [12], geht Kauffman einen anderen Weg. Er betrachtet nur die Parameter, die am Anfang gegeben sind, und leitet – begründet auf Empirie und Statistik – Komplexität und Verhalten der Netze ab.

Im Allgemeinen kann man davon ausgehen, daß die Updateregeln *synchron* sind, d.h. alle Knoten wechseln gleichzeitig den Zustand. Ist dies nicht der Fall, kann es zu Zirkelschlüssen kommen. Das Verhalten des Netzes hängt zudem von dem Knoten ab, den man zuerst betrachtet.

Anzahl der Knoten, \mathbf{N} Um ein Bool'sches Netzwerk zu beschreiben ist die Anzahl der Knoten wichtig. \mathbf{N} beschreibt den Raum, in dem sich das Netz bewegen kann. Da jeder Knoten binär kodiert ist, gibt es 2^N viele mögliche Konfigurationen. Der Zustand eines Netzes kann also durch ein \mathbf{N} -Tupel (mit Einträgen aus Nullen und Einsen) beschrieben werden.

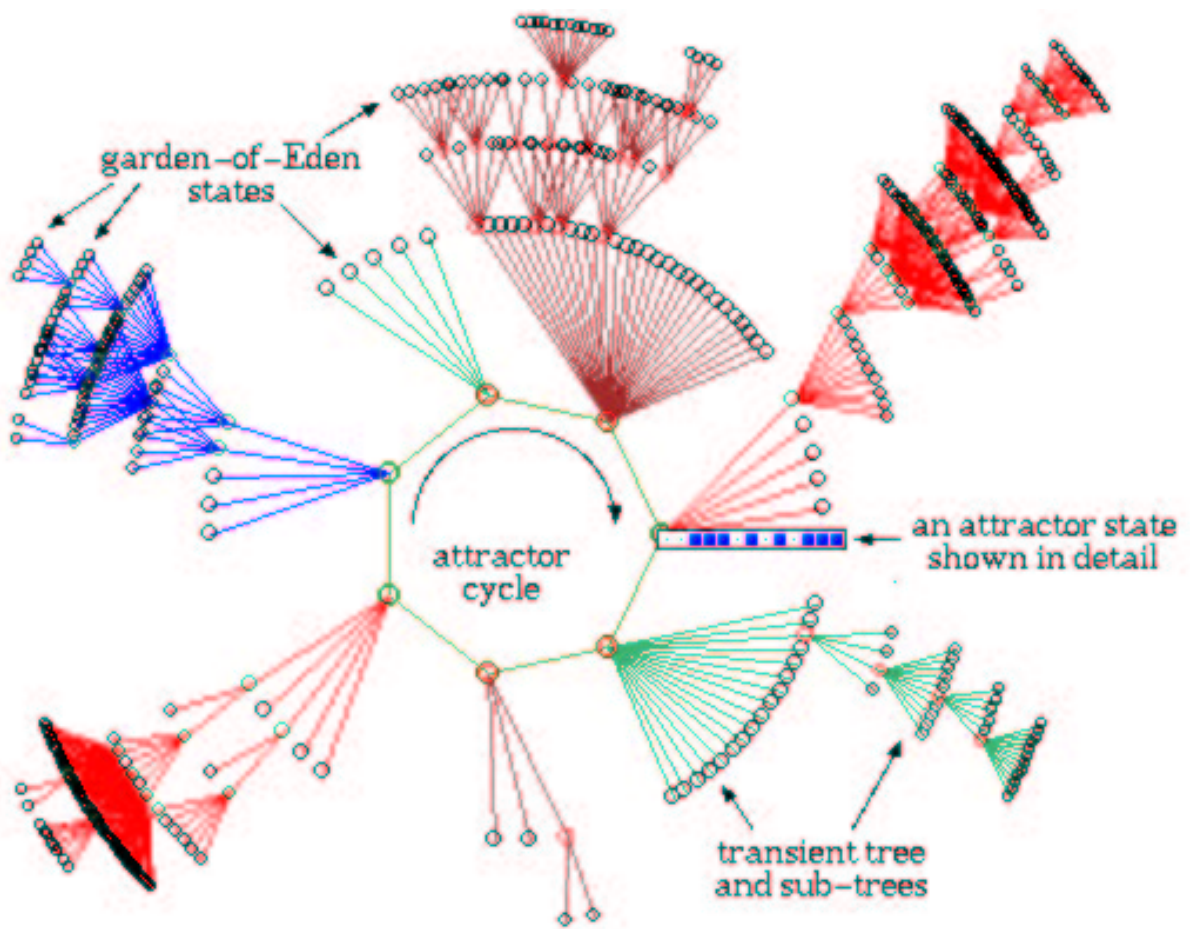


Abbildung 6.2: Attraktorbecken mit Grenzzyklus

Anzahl der Verknüpfungen, K Die eigentliche Komplexität von Bool'schen Netzen entscheidet sich allerdings in einem anderen Parameter, der **Verknüpfungsanzahl K** . K beschreibt die Menge der Kanten, die ein Knoten besitzt. Für das Modell kann davon ausgegangen werden, daß diese Anzahl für jeden Knoten gleich ist. Für die Experimente, die Kauffman ([8], [7]) durchgeführt hatte wurden sog. Zufallsnetze (*random networks*) generiert. D.h. sowohl die Regelmenge, als auch der Verknüpfungsgrad für ein Netz fester Größe wurden zufällig gewählt. Über mehrere dieser Läufe wurde dann empirisch gemittelt.

Dabei kam Kauffman auf die folgenden Ergebnisse:

- **$K = 1$:** Trivialfall. Es gibt keine Zyklen, nach höchstens einem Schritt ist ein stabiler Endzustand erreicht.
- **$K = N$:** Deterministisches Chaos. Schon kleinste Änderungen der Startkonfiguration lassen das Netz in einem anderen Attraktor (siehe dazu 6.2.1) enden. Dabei wird mitunter ein Großteil des Suchraums abgegangen. In Extremfällen ist der einzige Attraktor sogar der gesamte Suchraum.
- **$K = 2$:** Just an dieser Grenze von $K=3$ auf $K=2$ gibt es einen enormen Stabilitätsgewinn. Die Zahl der Attraktoren beträgt nur etwa $\log N$ was bedeutet, daß ein Netz mit 10000 Knoten nur 100 verschiedene Endzustände hat.

Im weiteren Verlauf wird auffallen, daß der Parameter $K = 2$ noch an einigen Stellen wieder auftritt, und jedes mal eine Schwelle von einem instabilen System zu einem strukturierten und geordneten System darstellt.

Regeln P Komplexität

Für die Stabilität eines Netzes, wählt er den Parameter P . P beschreibt die Anzahl an Einsen relativ zur Anzahl aller möglichen Zustände. Die OR-Funktion aus Abbildung 6.1 (Seite 74) hat also den P -Wert: 0.75.

Von besonderer Bedeutung sind dabei sogenannte *canalyzing Functions*, das sind Funktionen, bei denen die zugehörigen Knoten nur selten ihren Zustand ändern. Für eine Funktionstabelle wie in Tabelle 6.1 (Seite 74) bedeutet dies für die rechte Spalte (die den neuen Zustand des Knotens beschreibt), daß sie hauptsächlich Einsen oder Nullen enthält. Oder einen P -Wert hat, der Nahe bei 0 bzw. 1 liegt.

Ein Bool'sches Netzwerk wird um so stabiler, bzw. starrer, je mehr Knoten solche kanalisierende Funktionen haben.

Phänomene

So, jetzt ist alles beisammen, was wir für ein Bool'sches Netzwerk benötigen. In dem Vortrag haben wir beispielhaft erfahren, wie so ein Netz schaltet. Dabei sind wir auf einige Muster gekommen, die für Bool'sche Netze typisch sind.

Attraktoren Da ein Bool'sches Netz aus einer beschränkten Zahl von Zuständen besteht, und in jedem Schritt in genau einen klar definierten Folgezustand übergeht, muß das Netz nach einer gewissen Zeit wieder in einem schon „besuchten“ Zustand landen. Diese *Trajektorie* wird ohne Störung von außen, nicht mehr verlassen.

In einem *Attraktorbecken* befinden sich alle Zustände (d.h. Konfigurationen eines Bool'schen Netzes zu einem Zeitpunkt), die in der selben *Trajektorie*, bzw. Attraktor münden.

Stabilität Wir betrachten zwei Formen von Störungen: minimale und strukturelle.

Bei minimalen Störungen wird der Zustand eines Knotens verändert. Bei strukturellen Störungen, verändert sich die Regelmenge eines Knotens.

In vielen Fällen ist das Verhalten der Netze durch die Startkonfiguration bestimmt. Vertauscht man die Werte zweier Knoten, oder kehrt man den Wert eines Knoten um (*Mutation*). Ändert sich in der Regel das Verhalten des Netzes, es sei den, der neue neue Zustand liegt im selben Attraktorbecken. Jedoch gibt es in Netzen (besonders bei $K = 2$) Regionen, deren Zustand sich nicht ändert, während das restliche Netz die Zustände der Knoten laufend ändern (*frozen regions*).

Diese gefrorenen Regionen tragen eher zur Stabilität des Netzes bei, da sie wie ein Puffer wirken und Informationen nicht weiterleiten. Kommt es doch zu einer Änderung, so wechseln diese Regionen meist zusammen in den neuen Zustand.

Von der Stabilität eines Netzes kann man also dann sprechen, wenn es gefrorene Regionen aufweist und bei kleinen Änderungen das selbe Attraktorbecken behält. Jedoch gibt es auch bei diesen Netzen einen kritischen Punkt. D.h. ein Zustand bei dem ein Bit entscheidet in welches Attraktorbecken das Netz fällt. In diesem neuen Attraktor zeigt das Netz, natürlich wieder ein anderes Verhalten (siehe Abbildung 6.2, Seite 75).

Redundanz Nicht immer sind alle Knoten für das Verhalten eines Netzes notwendig. Abhängig von den Regeln haben nur bestimmte zulaufende Knoten Einfluß auf den neuen Zustand. Oder mehrere Knoten spielen die gleiche Rolle. (Es reicht beispielsweise, daß ein Knoten von drei zulaufenden auf „An“ ist, um den zu betrachtenden Knoten auch auf „An“ zu schalten.)

Tatsächlich ist Redundanz, also Vervielfältigung der selben Information eine wichtige Eigenschaft von lebendigen Systemen. Man stelle sich ein Komprimierungsalgorithmus vor, der einen Text auf die kleinste mögliche Größe reduzieren und abspeichern kann. Diese gespeicherte Datei wird wahrscheinlich aus einem Binärcode bestehen. Manipuliert man diesen Code, in dem man z.B. für eine 0 eine 1 schreibt, so verändert sich der Informationsgehalt dramatisch, und der zugrunde liegende Text wäre wohl nicht wiederzuerkennen.

Läßt man jedoch redundante Stellen, also Informationsverdopplung zu, so haben kleinere Störungen keinen Einfluß auf das Gesamtsystem, und der Text wäre wohl noch lesbar.

Interpretation Interpretiert man nun diese Ergebnisse wie folgt: ein Attraktor ist ein stabiler Zustand bzw. eine Erscheinungsform eines Systems. Störungen können durch einfaches ändern eines Bits, oder durch Verändern einer der Regeln passieren. Bei einer kleinen Anzahl an stabilen Zuständen, (d.h. große Attraktorbecken, wenig Attraktoren) ist es unwahrscheinlich, daß der Zustand (bzw. Attraktor) geändert wird.

Bei $K > 2$ liegt die erwartete Anzahl von Attraktoren bei ungefähr: $\frac{N}{e}$.

Bei $K = 2$ hingegen bei $\log(N)$. Ordnung ist also eine inhärente Eigenschaft eines Bool'schen Netzwerkes! In [9] verwendet KAUFFMAN folgende Metapher.

Chaotische Netze sind „gasförmig“, d.h. die Knoten wechseln laufend ihre Zustände und Störungen können durch den gesamten Zustandsraum propagieren.

Geordnete Netzwerke sind „fest“, sie haben einen hohen Anteil an gefrorenen Regionen und kanalisierenden Funktionen. Sie sind auch gegen Störungen robust.

Lebendige Systeme, bewegen sich also in einer „flüssigen“ Phase. Sie enthalten Regionen die ihren Zustand nicht ändern, und andere, die sich in einem Attraktor befinden.

6.2.2 Das NK-Modell

Bisher haben wir also gesehen, daß selbst so einfache Systeme, wie Bool'sche Netze ein hohes Maß an Selbstorganisation und Ordnung zeigen können. Was den Schluß zuläßt, daß lebendige Systeme, aufgrund ihrer Struktur entstehen, fast von alleine. Auf einige Aspekte dieser These, werden wir im Kapitel 6.3 näher eingehen.

Zunächst soll jedoch auf das NK-Modell und dessen Modellierungsmöglichkeit für die Produktionsrezepte (Abschnitt 6.3.2) eingegangen werden.

Aufbau eines NK-Modells

Das NK-Modell, das auch von Kauffman in seinen Büchern vorgestellt wird, ist eine Fortentwicklung der Bool'schen Netzwerke.

Mit dem Unterschied, daß man dieses mal nicht nur die einzelnen Knoten und deren Zustandsänderung betrachtet, sondern den Fokus auf die über die Verknüpfungen verbundenen Knoten ausweitet. Zudem kommt noch eine Fitnessfunktion. Betrachtet wird also nun ein String aus Nullen und Einsen, die verschieden stark zur Gesamtfitness beitragen. Anschaulich (siehe auch Abschnitt 6.3.1) stellt ein String ein Genom dar, das eine gewisse Eigenschaft prägt (z.B. Farbe des Fells). Einzelne Gene können, wenn sie aktiviert sind, dazu beitragen, daß die Eigenschaft auftritt. Die Gesamtfitness eines Genoms errechnet sich also aus dem Zusammenspiel der einzelnen Gene. Die Bedeutung der Parameter ändert sich kaum, beim NK-Modell ist:

- **N** Anzahl der Knoten
- **K** Anzahl der „Gene“ die zur Eigenschaft beitragen
- Die bool'schen Formeln fallen weg.
- Fitnesslandschaften, auf denen optimiert werden soll kommen hinzu

Wir betrachten die Strings, die sich nur in einem Bit unterscheiden, also durch eine einfache Mutation auseinander hervorgehen, als Nachbarn.

Weiterhin nehmen wir an, daß zunächst in der einfachen Nachbarschaft, nach einem besseren Fitnesswert gesucht wird. Da dies auch eine stabile Methode ist, um von „mißglückten“ Versuchen wieder zurück zu kehren. Als weiteres Verfahren bieten sich Sprünge im Zustandsraum an, was einer großen Veränderung des Erbguts gleichkommt.

Wieder liegen hier zufällig zusammen gesetzte Modelle zugrunde. Die Abbildungen 6.3 (Seite 79) und 6.4 (Seite 79) zeigen ein solches Modell ($N=K=3$). Jeder String hat also 3 Nachbarn, die hier in einem Hyperwürfel veranschaulicht werden.

Nun erhält jeder Knoten aus Abb. 6.3 (bzw. Ecke des Bool'schen Hyperwürfels) einen Fitnesswert, der sich aus den einzelnen beitragenden K errechnet. Ein einfacher evolutionärer Prozeß kann so in Gang gesetzt werden, in dem in jeder „Generation“ die bessere Alternative (d.h. die Kante die zu einem Knoten mit höherem Fitnesswert führt, gewählt wird).

Ein (lokales) Optimum ist dann erreicht, wenn es keine 'fitteren' in der unmittelbaren Nachbarschaft gibt (siehe Abb. 6.4). Phänomene, die nun interessant werden sind:

- Wie schnell wird ein lokales Optimum erreicht
- Wie gut ist ein solches Optimum, im Vergleich zu dem globalen Optimum
- Gibt es „bessere“ Strategien
- von welchen Parametern hängt das alles ab?

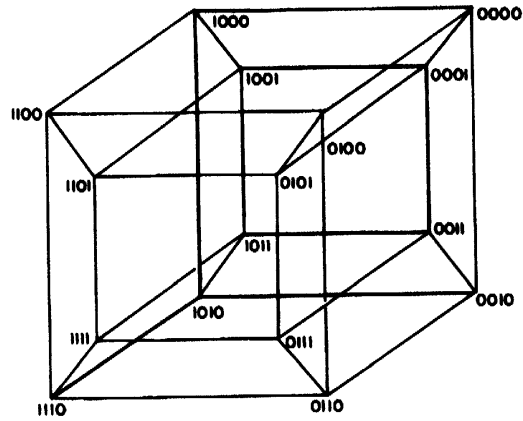


Abbildung 6.3: Bool'scher Hyperwürfel zeigt einfache Nachbarschaften.

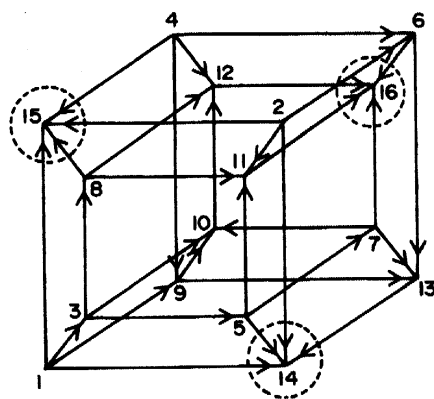


Abbildung 6.4: Fitnesswerte und lokale Maxima im Hyperwürfel

In den Simulationen, die von Kauffman durchgeführt wurden, wurden die Fitnesswerte zufällig verteilt. Eine Maßnahme, die ihm viel Kritik einbrachte. Zwar kann man so das generelle Verhalten der Netze beschreiben und grundlegende Strukturelle Aussagen machen, doch verfehlt es die Anschauung, bei der durchaus Wechselwirkungen zwischen den einzelnen Enzymen, bzw. Genen bestehen können. Diese Fitnesswerte sind dann natürlich nicht mehr zufällig verteilt.

Trotzdem ist der Erkenntnisgewinn nicht zu unterschätzen. Anhand dieser Modelle können wir erahnen, wie die Struktur evolutionärer Prozesse aussieht und letzten Endes finden sich darin auch die Anwendungsmöglichkeiten, die der Frage nach besseren oder optimalen Ergebnissen nachgehen. Im nächsten Kapitel wollen wir auf die empirischen Ergebnisse eingehen.

Optimierung auf NK-Modellen

Wie gut sich auf einer NK-Fitnesslandschaft optimieren läßt hängt maßgeblich von K ab. Darüberhinaus gibt der K -Wert auch Aufschluß darüber, wie die Punkte in der näheren Umgebung aussehen und gilt auch als Parameter für die Qualität der Optima. Die Ergebnisse, die Kauffman mit seinen zufällig generierten NK-Modellen ermittelte, lassen sich wie folgt zusammenfassen: (siehe dazu auch Abb. 6.5, Seite 81)

1. **$K=1$** Es gibt nur ein globales Optimum, das leicht und schnell erreicht wird. Große Sprünge im Zustandsraum, bringen keine Vorteile. Diese Landschaft gleicht einem einzigen Berg, bei dem in der Umgebung jedes Punktes ein „fitterer“ liegt. (Man spricht von einer stark korrelierten Fitnesslandschaft). In diesem Fall ist es egal, welche Optimierungsmethode man wählt, das Optimum wird nach endlich vielen Schritten erreicht.
2. **$K=(N-1)$** Die Fitnesslandschaft ist stark ausgefranst (rugged) und gleicht eher einem zerklüfteten Vulkangestein. Von einem beliebigen Startpunkt ist nur ein lokales Optimum zu erreichen. Diese lokalen Optima werden am Anfang schnell erreicht (durch Optimierung zum „besseren“ Nachbarn). Weitere Sprünge führen später kaum zu einer Verbesserung.
3. **$K = 2$** Hier ist der Fall ganz anders: Die Landschaft ist stark korreliert. Das heißt in der nahen Umgebung eines „fitten“ Punktes liegen Punkte mit einem ähnlichen Fitnesswert. Die Fitnesslandschaft gleicht also mehr einem Zentralmassiv.

Es zeigt sich also das folgende: Optimierungen finden am Anfang leicht und schnell statt, da es unwahrscheinlich ist das die Startkonfiguration dieses zufälligen Netzes gerade von einem lokalen Optimum startet. Ein lokales Optimum wird jedoch - in Abhängigkeit von K - relativ schnell erreicht. Jetzt bringen auch große Sprünge, zu weit entfernt liegenden Nachbarn kaum noch eine Verbesserung.

Zusammenfassung Wir haben gesehen, daß die Verknüpfungszahl K eine besondere Rolle bei der Betrachtung von Bool'schen Netzen und dem NK-Modell zukommt. Dies wird in einem Gedankenexperiment (siehe Kapitel 6.3.1) noch einmal deutlich.

Zudem zeigt sich, daß Optimieren auf stark ausgefranst Fitnesslandschaften schwierig ist, und die erreichten Optima nicht sehr gut sind. Trotzdem scheint es am Anfang von Vorteil zu sein zu experimentieren. Evolutionäre Prozesse gibt es nicht nur in der Natur. Das Drucksatzverfahren ist auch einer lagen Entwicklung von Gutenberg bis \LaTeX gefolgt. Heute unterscheiden sich die verwendeten Methoden kaum noch voneinander. Dieser Sachverhalt wird im Abschnitt 6.3.2

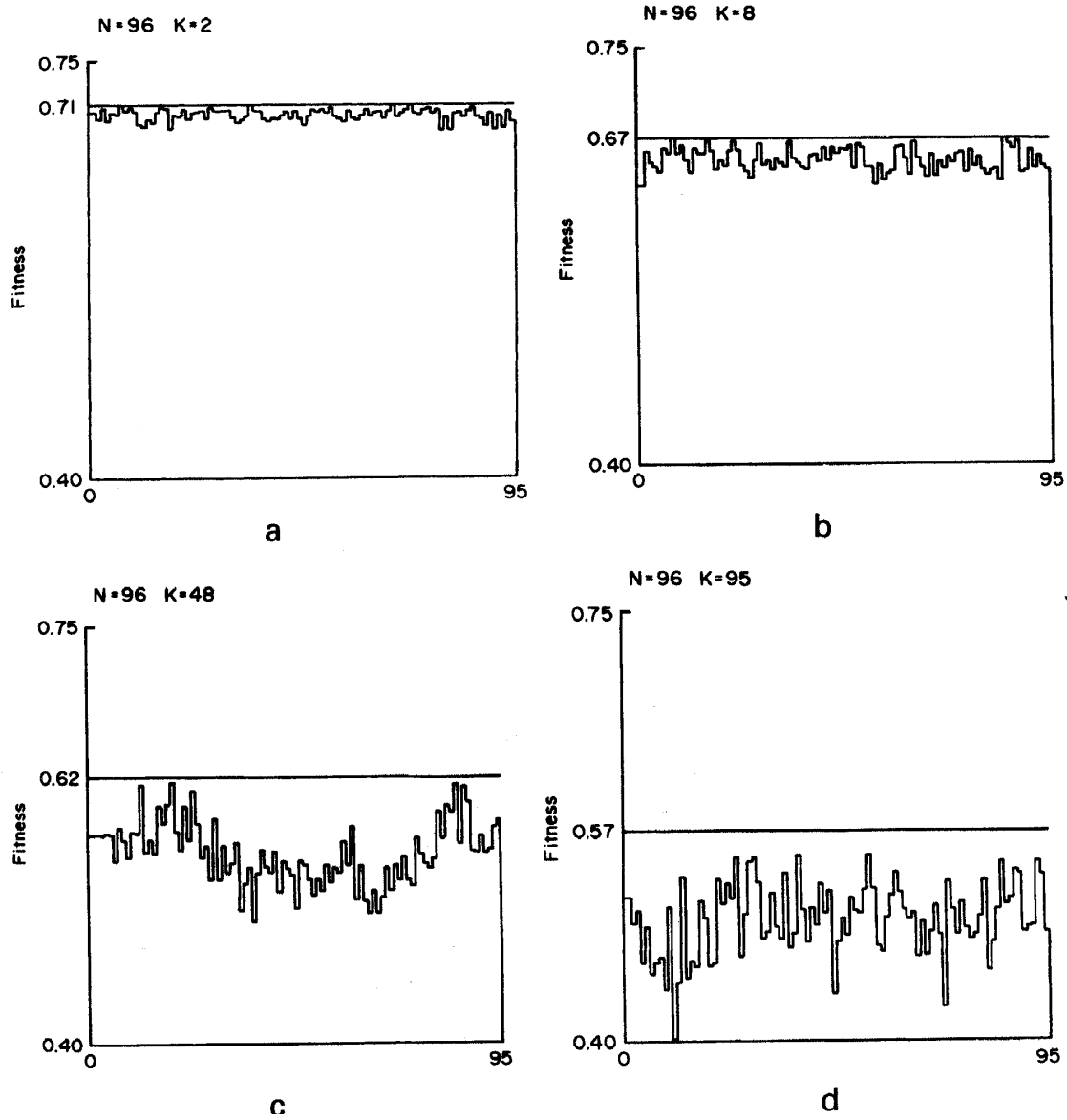


Abbildung 6.5: Fittere Nachbarn in der Umgebung; Ein Querschnitt durch eine Fitnesslandschaft

näher behandelt. Bei der „Evolution der technischen Verfahren“ findet die Optimierung über eine relativ lange Zeitspanne statt. Ein viel kürzere Zeit braucht die Entwicklung von Ideen und Gewohnheiten, die ja auch durch einen evolutionären Prozeß entstehen.

6.2.3 Verhaltensnetze

Der Ansatz der Verhaltensnetze von D. Bella [2] ist weniger mathematisch als das NK-Modell, aber trotzdem gut geeignet, um evolutionäre Prozesse und komplexe Zusammenhänge in sozialen Systemen zu beschreiben. Um diese Theorie vorzustellen, sollen die Ausdrücke Verhaltensweise, Verhaltensmuster und Handlung synonym verwendet werden. Dabei wird von vier einfachen Grundannahmen ausgegangen.

1. Menschen zeigen viele verschiedene Verhaltensweisen. Einige davon sind dabei unerwartet und unvorhersagbar.
2. Es gibt Verhaltensmuster, die günstig auf die Durchführung anderer Handlungen wirken. So ist es üblich, daß auf ein Niesen als Antwort der Ausspruch „Gesundheit“ folgt.
3. Verhaltensweisen, die durch andere begünstigt werden, bleiben länger bestehen oder werden häufiger ausgeführt, als solche die keinen „Grund“ haben.
4. Störungen durchbrechen bestehende Muster. Störungen können Konflikte, nichtkonformes Verhalten, oder Ähnliches sein.

Um aus diesen Grundannahmen Aussagen über evolutionäre Prozesse ableiten zu können, ist ein Gedankenexperiment notwendig. Das Experiment beginnt damit, sich einen Verhaltensmischer (ähnlich wie ein Betonmischer) vorzustellen. In diesen kommen viele verschiedene Handlungen hinein (1. Grundannahme). Nach zufälliger Auswahl fallen einige Verhaltensmuster aus dem Mixer wieder heraus. Die Handlungen werden im Verhaltensmischer gut durcheinander gemischt und kommen dabei kurzzeitig in Kontakt. Begünstigt dabei eine Verhaltensweise eine andere, entsteht eine Verbindung (2. Grundannahme). Die begünstigte Handlung kann dann nicht mehr aus dem Verhaltensmischer herausfallen (3. Grundannahme). Mit Hilfe des Verhaltensmixers und den ersten drei Grundannahmen ist klar ersichtlich, daß hauptsächlich Verhaltensweisen bestehen bleiben, die sich durch eine Rückkopplung wieder selbst begünstigen. Nur manchmal bewirkt eine Störung, daß eine bestehende Verbindung aufgelöst wird (4. Grundannahme). Danach kann das Verhalten, welches durch diese Verbindung bestehen blieb, wieder aus dem Verhaltensmischer herausfallen. Damit kann sich dann ein bestehender Verhaltensring auflösen. Sind aber mehrere Ringe zu einem Verhaltensnetz zusammengeschlossen, so wird dieses durch eine einmalige Störung höchstens teilweise aufgelöst.

Mit diesem Gedankenexperiment sind wir mitten im Gebiet der evolutionären Prozesse gelandet, weil Verhaltensnetze evolutionär entstehen. Es ist leicht einzusehen, daß insbesondere von den vergangenen Störungen abhängt, ob sich ein bestimmtes Netz bilden konnte oder nicht. Die bestehenden Verhaltensnetze sind im Allgemeinen kaum oder nur sehr schwer zu erkennen. Zwar können einzelne Begründungen für eine Handlungsweise angegeben werden, aber es wird nicht erkannt, daß die Handlung auch wieder auf die Gründe für das Handeln zurückwirkt. Um solche Netzwerke besser zu erkennen, können Skizzen eingesetzt werden. Skizzen sind um einiges leistungsfähiger als Text, weil sie als Gesamtbild erfaßt werden können. Dadurch treten die Zusammenhänge stärker hervor und Details treten in den Hintergrund. Solche Skizzen können sogar als Metaphern aufgefaßt werden, wodurch dieser leichter Zugang zum Extensionsgedächtnis (Vergleiche Kapitel 6.1.1) finden. Es entsteht ein Gefühl für Verhaltensnetze.

Text hingegen muß sequentiell aufgenommen werden. Dadurch gehen Zusammenhänge, die sich über viele Zeilen erstrecken meist verloren. Abbildung 6.6 (Seite 83) zeigt ein einfaches Beispiel einer solchen Skizze zum Thema „keinen Sport machen“. Um die Skizze zu lesen, sind die Pfeile in Laufrichtung als „deshalb“ und gegen die Laufrichtung als „weil“ zu interpretieren. Um ein Verhaltensnetz in seiner Ganzheit erfassen zu können, empfiehlt es sich insbesondere bei komplizierteren Skizzen, sich mehrmals durch das ganze System hindurchzulesen, bis ein Gefühl für die Zusammenhänge entsteht.

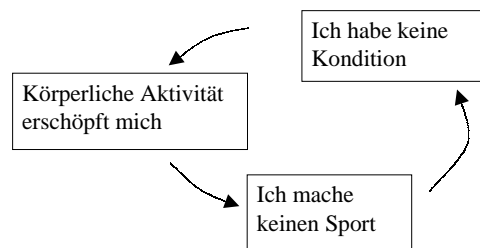


Abbildung 6.6: Beispiel eines Verhaltensnetzes als Skizze. (Um die Skizze zu lesen, sind die Pfeile in Laufrichtung als „deshalb“ und gegen die Laufrichtung als „weil“ zu interpretieren.)

Abschließend soll dieser Ansatz der Verhaltensnetze durch einige Erläuterungen verdeutlicht werden. Skizzen von solchen Netzwerken sollten nicht als Voraussagen betrachtet werden, sondern als Tendenzen. Verhalten kann in diesem Zusammenhang als chaotisches System betrachtet werden; Die Verhaltensnetze stellen einen Attraktor dar. Weiter sollte beachtet werden, daß sowohl hilfreiche, als auch unerwünschte Verhaltensnetze entstehen können, da keine Auswahl getroffen wird, welche zugelassen werden und welche nicht. In diesem Zusammenhang ist es wichtig, zu beachten, daß es gerade die vergangenen Störungen sind, die bestimmen, ob sich ein Netz ausbilden kann oder nicht. Damit kann jeder Mensch durch kleine Impulse (welche erscheinen, als ob sie kaum etwas bewirken würden) das System in einen wünschenswerteren Zustand bringen. Im Kapitel 6.3.2 wird aufgezeigt, wie der Ansatz der Verhaltensnetze verwendet werden kann, um ein besseres Verständnis für gesellschaftlich-technologische Probleme zu erhalten.

6.3 Anwendungen

Modelle werden immer dann herangezogen, wenn ein Sachverhalt unklar, oder schwierig zu verstehen ist. Es finden dabei immer Abstraktionen und eine Reduzierung auf Metaphern statt. Somit erreicht man ein besseres Verständnis der Phänomene, weil die Modelle viele sequentielle Ereignisse verdichten, und sie für uns so leichter zugänglich machen. Somit ist der Hintergrund jedes Modells die Anschauung, sie soll auch hier nicht zu kurz kommen.

6.3.1 Biologie

Kaufmann hat das NK-Modell auf eine biologische Anschauung gestellt. Angefangen mit Rückkopplungskreisläufen von Enzymen bis hin zu höheren Organismen, vertritt er die These, daß Ordnung in komplexen Systemen sich auf wenige Gesetzmäßigkeiten zurückführen ließe, und daß

letzten Endes das Leben nur eine Manifestation eines komplexen biochemischen wechselwirkenden Systems sei.

Dieses System zeigt ein hohes Maß an Ordnung und Stabilität, das vermuten läßt, daß Darwins Vermutung von Selektion als einzige treibende Kraft, der Evolution, modifiziert werden müßte. Schon Bool'sche Netze zeigten einen starken Zusammenhang zur Natur. Die Vorhersage von Bool'schen Netzen, bei 100.000 Genen etwa 370 verschiedenen Zelltypen zu schaffen (Jeder Zelltyp ist ein stabiler Zustand und Attraktor), liegt nicht weit entfernt von der bisher ermittelten Zahl von 254 [9].

Wie beschrieben zeigen Bool'sche Netze mit

1. **Ordnung** durch die Attraktoren
2. **Stabilität** gegen äußere Einwirkungen
3. **Redundanz**
4. **Anpassungsfähigkeit** Möglichkeit den Zustand zu verändern.

Eigenschaften, die man auch von biologischen Systemen erwarten würde.

Doch zunächst soll noch auf weitere Bedingungen eingegangen werden. Dieses mal nähern wir uns von der anderen Seite. Wir gehen der Frage nach, was es bedeutet ein Bool'sche Netze als ein Modell für ein (enzymatisches) Nahrungsnetz zu verwenden. Dabei spielt es zunächst eine Rolle zu ermitteln, wie groß eine Anfangsmenge bzw. Konzentration an Molekülen sein muß, um den „Funken“ überschlagen zu lassen und mehr Enzyme durch chemische Reaktionen zu erhalten

Erste Überlegungen Für die folgende Diskussion werden einige Vereinfachungen getroffen.

1. Proteine sind An/Aus-Idealisiert
2. Jedes Protein wirkt als Katalysator für eine andere Reaktion
3. Nahrungsenzyme, bzw. elementare Grundbausteine für eine Reaktion liegen in beliebiger Menge vor.
4. Durch Evolution kann die Verknüpfungsstruktur verändert werden (Entstehen neuer, oder Abbrechen alter Verbindungen)

Wie im vorherigen Kapitel zeigt sich, wie wichtig es ist, an welcher Stelle die Verknüpfungen aufgebrochen wird. Und es macht eine der Unvorhersagbarkeiten aus, daß diese Brüche a priori nicht feststehen. Die Störungen machen jedoch gerade die neue Struktur aus.

Enzymatische Netzwerke

Wir wollen also ein Netz schaffen, in dem die Enzyme als Knoten, mit anderen Enzymen aus dem Netz reagieren und komplexere Moleküle bilden. Dabei soll eine große Menge an Verknüpfungen vermieden werden. Dazu betrachten wir zunächst ein einfaches Modell:

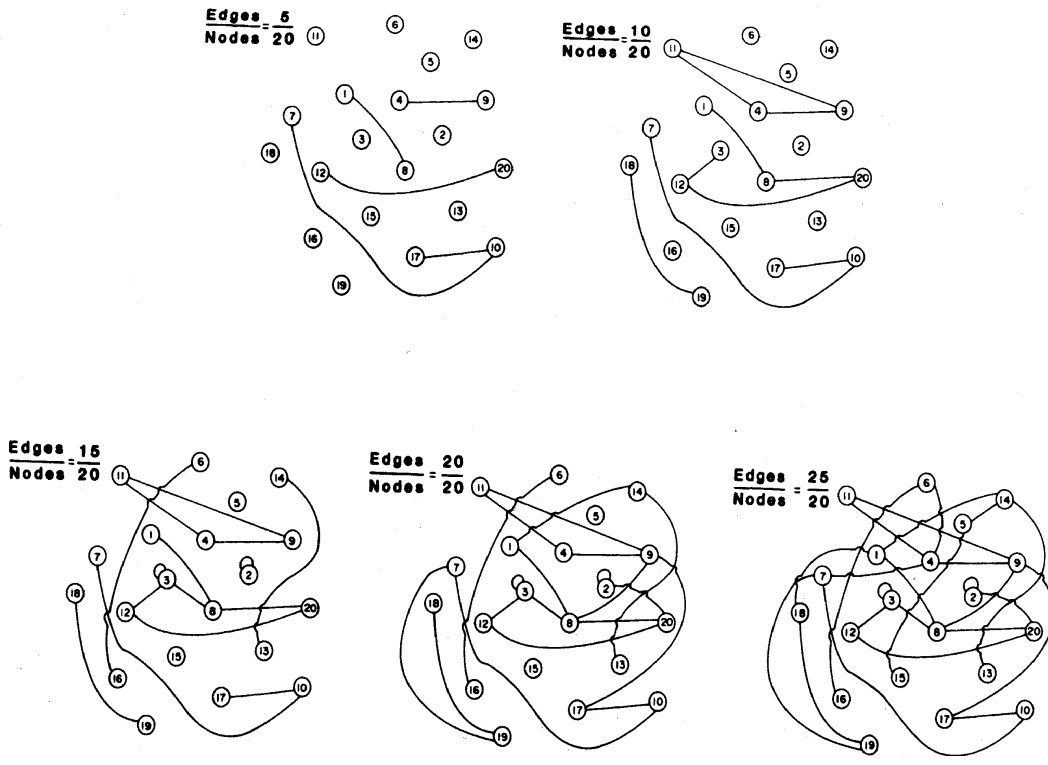


Abbildung 6.7: Knöpfe und Fäden

Gedankenmodell: Man stelle sich einen Haufen loser Knöpfe vor. Nun werden die Knöpfe mit einem Bindfaden beliebig untereinander verknüpft. Dabei ist es nicht zwingend erforderlich das jeder Knopf eine gerade Anzahl von Verknüpfungen besitzt. In Figur 6.7 (Seite 85) sind einige Beispiele aufgeführt. Die Frage, die sich nun stellt ist die folgende:

Wie viele Verknüpfungen brauche ich ungefähr pro Knopf, um eine möglichst große Anzahl an Knöpfen in der Hand zu halten, wenn ich einen beliebigen Knopf wähle?

Um bei der Vorstellung zu bleiben, ist das folgendermaßen gemeint: Ich wähle einen Knopf aus dem Haufen aus und ziehe daran. Durch die Verknüpfungen, ziehe ich dann auch noch eine Reihe anderer Knöpfe mit. Sie sind quasi Folgeprodukte des ersten Knopfes. An Figur 6.7 kann man sehen, daß man Anfangs mit wenigen Verknüpfungen schon recht viele Knöpfe mit einem Mal „herausziehen“ kann. Ab einem bestimmten Schwellenwert allerdings, ist es unwahrscheinlich mit einer weiteren, zufälligen Verknüpfung noch einen Knoten zu treffen, der noch nicht im selben „Cluster“ ist.

Tatsächlich ergibt sich nach empirischer Betrachtung die altbekannte, logistische Kurve (s. Abbildung. 6.8, Seite 86) Daraus zeigt sich, daß das optimale Verknüpfungsverhältnis, um mit den wenigsten Verknüpfungen die meisten Knoten mitzuziehen, bei einem Verhältnis von Knoten zu Verknüpfungen von etwa 1:2 liegt. Das entspricht also einem **K**-Wert von 2!

Feedback Netze Einige chemische Reaktionen könnten ohne Katalyse nur unter hohem Energieaufwand durchgeführt werden. Durch Katalysatoren werden die Reaktionsbedingungen so verändert, daß die Reaktionen auch unter normalen Bedingungen stattfinden können. Für die Entstehung von Leben ist es nicht nur anzunehmen, daß am Anfang Katalysatoren vorhanden

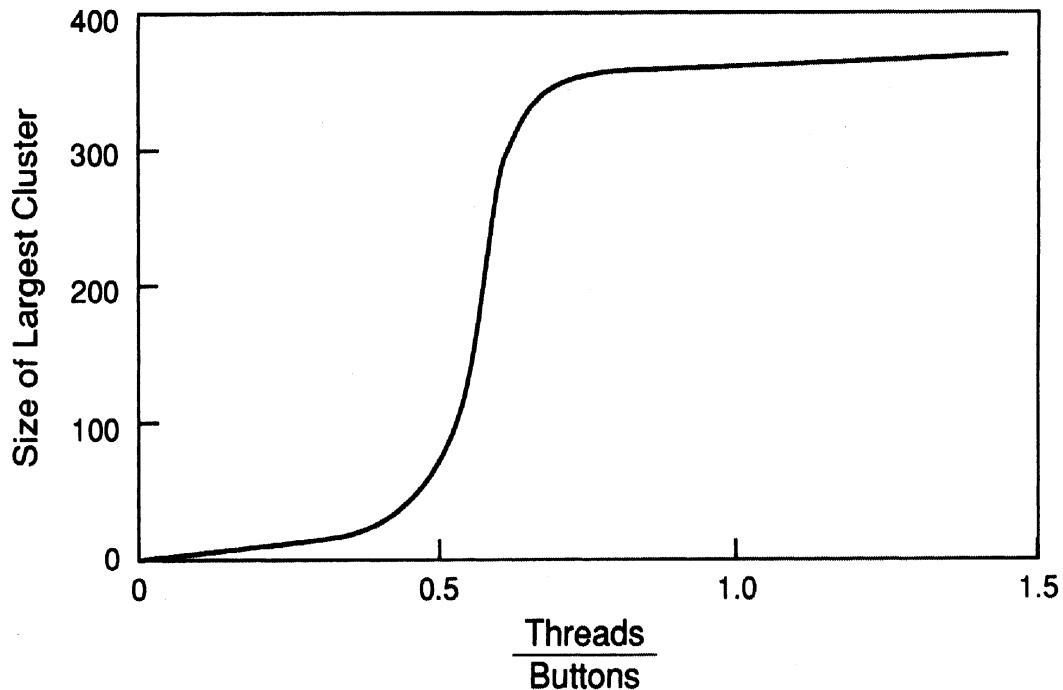


Abbildung 6.8: Logistische Kurve für ein optimales Verhältnis von Fäden zu Clustern

waren, es ist zudem wahrscheinlich, daß neu entstandene Moleküle wiederum als Katalysatoren dienen, was den Entstehungsprozeß von neuen, komplexeren Molekülen beschleunigt.

Abbildung 6.9 (Seite 87) täuscht ein wenig darüber hinweg, daß die tatsächliche Anzahl an enzymatischen, katalytischen Prozessen wesentlich geringer ist. Es bleibt aber trotzdem die These bestehen, daß die Komplexität erst durch die Möglichkeiten der Verknüpfungen entstehen konnte. Dabei taucht wieder der 'magische' Parameter $K=2$ auf der in diesen Netzen wieder eine wichtige Rolle spielt. KAUFFMAN prägte in diesem Zusammenhang die geläufige Formel: „Ordnung am Rande des Chaos“.

Tatsächlich scheint es eine Eigenschaft von evolvierenden Systemen zu sein, genau die Grenze zu halten zwischen Chaos und Ordnung, Aussterben und Fortbestand, oder um mit einer Metapher aus einem anderen Referat zu sprechen: Sie bewegen sich genau am Rande des Sandhügels, wo ein kleines Sandkorn einen Berggrutsch verursachen kann, oder den Hügel weiter aufgebaut. (siehe dazu BAHLMAN, O. und PEUSSNER, M. in diesem Band.)

Voraussetzung der Anschauung ist natürlich, daß die katalysierenden Enzyme aktiv, d.h. reaktionsfähig sind. Die Erklärung, die Bool'sche Netze dafür liefern ist die folgende. Bei einem geringen Verknüpfungsgrad ist die Wahrscheinlichkeit das aus dem Pool der Moleküle ein neues zusammengesetztes entsteht relativ gering. Das ist nicht nur darauf ankommt das ein Reaktandenpaar aufeinander trifft, sondern auch, daß die Reaktion unter normalen Bedingungen überhaupt möglich ist. Vielleicht würden komplexere Moleküle durch Katastrophen oder außerordentliche Wetterveränderungen entstehen. Dies ist jedoch ein langsamer Prozeß.

Im Gegensatz dazu steht die Annahme eines enger verknüpften Netzes (großes K) (dabei spielen die katalytischen Verknüpfungen eine größere Rolle). Hier kann es leicht zu neuen Reaktionen kommen, die dann auch die Konzentration der Moleküle verändern können. Geht man von einer Konzentration nahe der Sättigungsgrenze aus so ist eine Reaktion sehr wahrscheinlich. Auf der anderen Seite wird durch die Reaktion wieder „Platz“ frei. So wird zwar die Struktur der Mo-

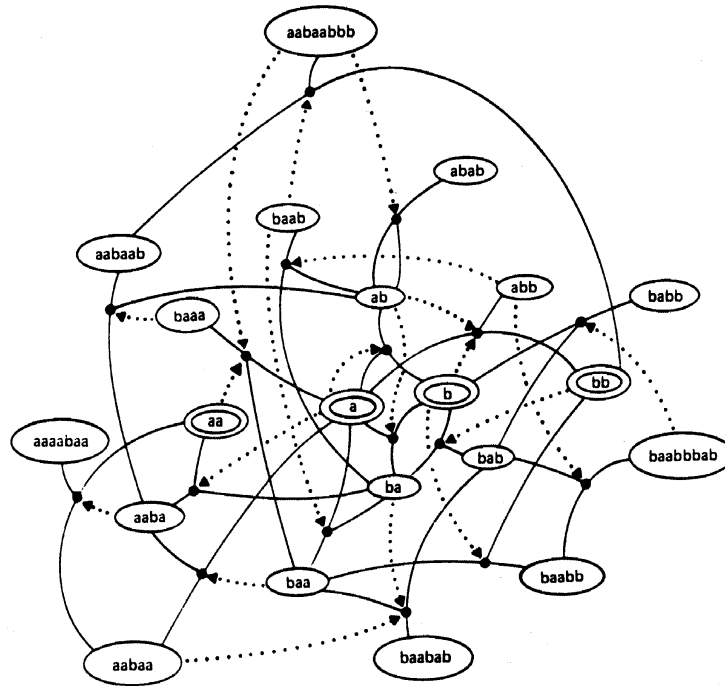


Abbildung 6.9: Schematisiertes katalytisches Netz. Nahrungsmoleküle A und B und die bildenden Reaktionen. (gestrichelt: Katalytische Unterstützung; durchgezogene Linien: Reaktion)

leküle immer komplexer und die Anzahl dieser immer größer, es werden auch immer mehr von den „Nahrungsmolekülen“ verbraucht. Natürlich sind diese nicht in unendlicher Menge vorhanden, wie zuerst angenommen (s. Beginn des Kapitels). Sind die Vorräte erstmal aufgebraucht, stürzt das System in sich zusammen.

In der Evolutionsgeschichte ist das sogar schon einmal passiert:

Kambrische Explosion – Extinktion zur Perm Den ersten großen Entwicklungsschub erfuhr die Evolution vor etwa 544 - 505 Millionen Jahren. Innerhalb einer kurzen Zeitspanne entstanden vielfältige Tier- und Pflanzenformen, auch die „Eroberung des Landes“ durch Tiere und Pflanzen wird dieser Zeitspanne zugerechnet. Es scheint, als habe die Natur mit verschiedensten Konstruktionen „herumexperimentiert“, den möglichen Zustandsraum also weiträumig abgedeckt zu haben.

Die Vielfalt an Lebensformen wurde in den späteren Zeitaltern nie wieder erreicht und fand ihr Ende etwa 300 Millionen Jahre später mit der sog. *Perm-Extinktion*

Am Ende der *Perm*, also vor ungefähr 248 Millionen Jahren starben über 50% der marinen Wirbellosen (u.a Trilobiten), 75% aller Amphibien, 80% der Reptilien und insgesamt 90-95% aller marinen Spezies aus.

Dieses Massensterben war größer als die vorigen im Ordovizium, Devon und als die Katastrophe, die vor 65 Millionen Jahren (Ende Trias) zum Aussterben der Saurier geführt hat. ¹ KAUFFMAN fand eine Begründung in seinen Modellen:

- Auf NK-Fitnesslandschaften ist am Anfang nahezu jeder Nachbar 'fitter'. Auch weite Sprünge in der bringen in der Regel eine Verbesserung und können beibehalten werden.

¹BECK, E., Biokurs (2001), <http://www.Biokurs.de/Skripten/13/bs13-52.htm>

„Experimente“ lohnten sich. Das geschah zur Kambrium-Epoche.

- Zur Perm änderten sich nicht nur die Lebensbedingungen dramatisch: Klimaveränderungen, durch Vulkanausbrüche in Sibirien und Zufrieren der Pole. Zudem wurde wohl eine kritische Grenze überschritten, in der das Nahrungsnetz zusammenfiel, und somit die Folgen weitaus gravierender waren.

Eine wahre Lawine auf dem Sandhügel.

Bool'sche Netze am „Rande des Chaos“ zeichnen sich auch durch sog. „gefrorene Regionen“ aus. Also eine Knotenmenge, die sich im Laufe der Simulationen nicht ändert. Diese Knotenmenge enthält aber für das Verhalten des Netzes sensible Punkte. Zur Perm fielen möglicherweise mehrere Punkte zusammen:

1. Durch den Klimawandel änderten sich die Fitnesslandschaften der Individuen dramatisch.
2. Die Verknüpfung des Nahrungsnetzes war zu klein, so daß es zusätzlich zu einer Nahrungsknappheit kam. Möglicherweise hingen alle irgendwie von einer elementaren Nahrungsquelle ab, die verbraucht wurde.
3. Ein Bool'sches Netz (Was beispielsweise die Nahrungsabhängigkeit beschreibt) wurde durch die Mutation einer Art, in einen neuen Zustand versetzt. (Die Änderung eines „gefrorenen“ Parameters, ließen das Netz in ein neues Attraktorbecken „springen“.

- daß sich danach nicht wieder die selbe Artenvielfalt entwickelte führte KAUFFMAN auf die Optimierungsprobleme bei „entwickelten“ NK-Modellen zurück, bei denen die Verbesserung wesentlich schwieriger ist. (In den späteren Epochen wurde ja nicht wieder von „Null“ angefangen. siehe dazu 6.2.2).

Evolution

Evolution ist nicht nur auf die Schlagwörter von Mutation und Selektion beschränkt.

Da es nicht vorhersagbar ist in welche Richtung entwickelt wird ist jede Mutation gleich gut. Sogar Extremformen können weiter bestehen, wie z.B. der Dodo aus Neuseeland, so lange eine Nische existiert, die dem Individuum Überlebenschancen bietet.

Im Laufe der Evolution haben Tiere immer neue Nischen entdeckt und besetzt.

Um bei der Sprache des NK-Modells und der Bool'schen Netze zu bleiben, entspricht eine Nische eines lokalen Optimums einer Fitnesslandschaft eines Individuums, oder einer Art. Im Idealfall würde also jede Art, das im „göttlichen Plan“ vorgesehene globale Optimum erreichen. Allerdings sind die Ressourcen begrenzt genauso wie die Möglichkeiten der Optimierung, also wird wohl eine schwächere Art auf einem suboptimalen Niveau verharren, oder aussterben.

An dieser Stelle kommen die Bool'schen Netze ins Spiel. Auf molekularer Ebene konnten wir einige treffenden Aussagen machen. Wendet man diese Metapher jetzt auf Genom-Ebene an, dann sieht man den Attraktorzyklus eines Netzes als schematischen Lebenslauf, bzw. Kopiervorgang eines Gens an. Dieser Vorgang ist recht stabil, da auch kleinere Fehler beim Kopieren ausgeglichen werden. Man kann dies also zu einem wenig verzweigten hoch redundanten Netz abstrahieren. Durch das Ändern eines 'kritischen' Gens (Spontanmutation) kann es passieren, daß das Attraktorbecken gewechselt wird. Diese 'genetische' Veränderung hat natürlich auch Einfluß auf die Fitnesslandschaft. Jetzt schiebt sich vielleicht ein anderes Optimum in die Reichweite der Art und sie könnte eine neue Nische besetzen.

Koevolution

Bisher hat man einzelne Individuen betrachtet, die sich evolvieren und ihre Fitneß kontinuierlich verbessern. Dabei liegt die Annahme zu Grunde das die Umwelt konstant bleibt, d.h. durch keine Änderung des evolvierenden Individuum verändert wird. Ebenso wenig hat die Umwelt Einfluß auf die Fitnesslandschaft, es sei denn, es kommt zu Katastrophen (wie zur Perm), die die Fitnesslandschaft dramatisch verändern. Damit das Modell näher an der Realität ist, betrachtet man nun mehrere Individuen, die sich über ein NK-Modell evolvieren. Doch nun ist ihre Fitneß untereinander gekoppelt. D.h. eine Veränderung eines Individuums führt unmittelbar zu einer Änderung des Fitnesswertes der anderen Individuen.

Red-Queen-Hypothesis

*sometimes it takes all the running you can do,
to stay at the same place*

RED QUEEN in Carroll, Lewis: ALICE IN WONDERLAND

Schwingungen in Räuber-Beute-Systemen sind allgemein aus dynamischen Modellen bekannt, sie tauchen auch in den gekoppelten NK-Modellen wieder auf, allerdings werden sie hier anders interpretiert. Stehen zwei Arten in einer Räuber-Beute-Beziehung, so gibt es für den Räuber beispielsweise Vorteile wenn er seine Technik verbessern würde, da er so mehr Beute fangen würde. In einem evolutionären Zusammenhang und in einer solchen Zeitspanne, nimmt man an, daß sich ein solcher Vorteil auch durch eine Veränderung der Physis einstellen könnte (z.B. Räuber läuft mit längeren Beinen schneller.) Beutetiere können den Vorteil der Räuber wieder ausgleichen, indem sich auch bei ihnen der Bewegungsapparat weiterentwickelt. Also sind nach einiger Zeit Räuber und Beute wieder im selben Kräfteverhältnis. Dieses Phänomen, bei dem sich die Eigenschaften gegenseitig aufschaukeln, und scheinbar endlos schwingen würden, nennt man auch **Red-Queen-Hypothesis** nach dem Eingang erwähnten Zitat aus Alice im Wunderland.

Wie die Anwendungsbeispiele aus der Biologie zeigen, eignen sich beide Modelle, trotz ihrer Einfachheit, um spezielle Phänomene zu erklären. Das dabei durch Vereinfachungen wissenschaftliche Erkenntnisse verletzt werden, liegt an der Verdichtung zum Metapher und sollte nicht als Schwäche der Modelle gedeutet werden.

Im nächsten Kapitel wollen wir das Anwendungsgebiet der Modelle erweitern, da sie auch in einem ökonomischen Umfeld verwendet werden können. Dafür wird es notwendig sein, einige der getroffenen Vereinfachungen zu modifizieren.

6.3.2 Soziale Systeme

Die Entwicklung sozialer Systeme kann in vielen Fällen als evolutionärer Prozeß verstanden werden. Dies kann das Verständnis in Problemsituationen erheblich erleichtern. So können zum Beispiel Familienchroniken im Sinne einer Evolution verstanden werden. Dies hilft zu erklären, wieso bestehende Muster oftmals nicht einfach durchbrochen werden können. Aber auch die Optimierung eines Produktionsprozesses kann als Evolution verstanden werden. Die beiden vorgestellten Ansätze sollen nun also auf soziale „Beispielsysteme“ angewandt werden, um zu zeigen, welche Erklärungen damit geliefert werden können, aber auch, um zu sehen, wo die Grenzen der Modelle liegen.

Sozioökonomie: Produktionsrezepte

Die Verwendung des sehr mathematischen NK-Modells für die Beschreibung sozialer Systeme scheint auf den ersten Blick kaum möglich. Dies insbesondere deshalb, weil soziale Systeme viel zu komplex erscheinen, als daß sie sich in einen Graphen mit binären Knoten zwingen ließen. Wird das Anwendungsfeld auf ein Teilsystem beschränkt und das NK-Modell teilweise modifiziert, so lassen sich doch nützliche Resultate und Vorstellungen gewinnen. Insbesondere soll hier nun aufgezeigt werden, wie ein erweitertes NK-Modell in der Sozioökonomie eingesetzt werden kann. Auerswald et. all. zeigen, wie das Modell ein Verständnis dafür gibt, wie Produktionsprozesse evolutionär verbessert werden [1]. Um einen Produktionsprozeß in einem NK-Modell abzubilden, wird er in Produktionsschritte aufgeteilt. Jedem der N Produktionsschritte wird ein Knoten im NK-Modell zugewiesen. Da Produktionsschritte jedoch meist mehr als zwei mögliche Varianten besitzen, muß das NK-Modell entsprechend erweitert werden, so daß jeder Knoten S Zustände annehmen kann. Ein Produktionsrezept definiert sich aus den Zuständen der N Produktionsschritte. Jedem der S möglichen Zustände eines einzelnen Produktionsschrittes können Produktionskosten zugeordnet werden. Durch Aufsummieren aller Produktionskosten ergeben sich die Kosten für ein mögliches Produktionsrezept. Aus diesen Produktionskosten läßt sich dann leicht eine Produktionseffizienz für ein bestimmtes Rezept berechnen.

Die K Kanten im NK-Modell entsprechen offensichtlich den Wechselwirkungen zwischen den Produktionsschritten. Verändert sich also der Zustand eines bestimmten Produktionsschrittes, verändern sich dessen Produktionskosten, aber auch die Produktionskosten der Produktionsschritte, die über die K Kanten verbunden sind. Analog zur Fitnesslandschaft in biologischen Systemen läßt sich nun eine N -dimensionale Effizienzlandschaft des Produktionsprozesses erzeugen.

Da das zugrundeliegende Modell für die Produktionsrezepte zur selben Modell-Familie gehört, wie bei der biologischen Evolution, sind auch die Erkenntnisse vergleichbar (Für eine detaillierte Sensitivitätsanalyse vergleiche [1]). So läßt sich auch hier eine Verlangsamung der Effizienzsteigerung mit zunehmender Effizienz feststellen.

Diese Phänomene (Effizienzsteigerung und Verlangsamung der Effizienzsteigerung), welche von der Ebene der Produktionsschritte ausgehen (Mikroebene), eignen sich gut, um ein bekanntes Phänomen bei Produktionsprozessen (Makroebene) abzubilden. Unter den Namen „Learning-by-doing“ [1], „Skaleneffekt“ oder „abnehmende Grenzkosten“ ist bekannt, daß mit steigenden Produktionsmengen die Effizienz steigt [1]. Dies erfolgt zunächst schnell, später langsamer (Vergleiche Abbildung 6.10, Seite 91). Durch geeignete Parameterwahl stimmt Modell und empirisch beobachtetes Phänomen sehr gut überein.

Erweitert wurde der Ansatz der Produktionsrezepte von Kauffman et. all., indem Experimentierkosten für das Variieren einzelner Produktionsschritte eingeführt wurden [6]. Damit entsteht ein klassisches Optimierungsproblem zwischen Effizienzsteigerung und Experimentierkosten. Die Optimierung wurde für eine breite Familie von korrelierten Effizienzlandschaften durchgeführt. Die gefundenen Resultate sind sehr plausibel. Es hat sich gezeigt, daß sich zu Beginn eines Optimierungsprozesses ausgedehnte Experimente mit unterschiedlichen Produktionsrezepten lohnen sollten. Später, wenn sich das System bereits teilweise optimiert hat, sind Experimente meist kaum effektiv.

Interessant ist natürlich auch die Frage, welche Metaphern das NK-Modell zur Evolution von Produktionsprozessen liefert. So kann man sich diesen Evolutionsprozeß als „Blinde Wanderung auf einer unbekanntem Effizienzlandschaft“ vorstellen. Blind deshalb, weil oft kaum bekannt ist, welchen Einfluß die Veränderung eines einzelnen Produktionsschrittes genau hat. Damit ist auch eine gezielte Optimierung meist schwierig. Weiter sind die Eigenschaften von

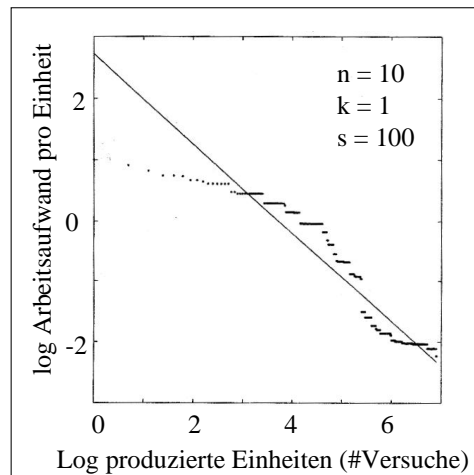


Abbildung 6.10: Abnahme der Produktionskosten wie sie durch das Modell der Produktionsrezepte für einen learning-by-doing-Prozeß vorausgesagt wird. Empirisch beobachtete Kurven zeigen einen sehr ähnlichen Verlauf (nicht gezeigt.)

„NK-Effizienzlandschaften“ so, daß das effizienteste Produktionsrezept auch das größte Attraktorbecken besitzt. Damit ist es wahrscheinlich, von einem beliebigen Produktionsrezept gegen ein „gutes“ Optimum zu streben. Außerdem beginnt die „Wanderung“ oft in einem eher flachen, wenig optimierten Bereich, bei dem Verbesserungen in vielen Richtungen möglich sind. So kommt es bei der Entwicklung neuer Gegenstände zu einem Phänomen ähnlich der Kambrischen Explosion (vergleiche Kapitel 6.3.1), bei dem vorerst eine breite Vielfalt von „Design-Varianten“ entstehen, aus denen sich dann allmählich die besten Kompromisse entwickeln. Gute Beispiele für dieses Phänomen sind die Entwicklung von Fahrrädern und Flugzeugen von einer anfänglich großen Vielfalt zu sehr ähnlichen Design-Mustern.

Spannend scheint auch die Frage, wie sich unterschiedliche Produktions-Effizienzlandschaften gegenseitig in einem koevolutions-ähnlichen Prozeß beeinflussen würden. Dabei sind „Adaptionslawinen“ zu einem nicht vorhersagbaren Zeitpunkt und mit unvorhersagbarer Größe im Sinne der self-organized Criticality (Vergleiche O. Bahlmann und M. Peussner in diesem Band) zu erwarten. Das Thema wird von Kauffman [7] angesprochen, aber wurde unseres Wissens bisher nicht weiter ausgearbeitet.

Offensichtlich kann die Anwendung des NK-Modells auf soziökonomische Systeme neue Vorstellungen über die Funktionsweise solcher Systeme liefern. Spannend wäre die Frage, ob sich das NK-Modell auch auf politische Systeme oder Rechtssysteme anwenden läßt und welche neuen Vorstellungen sich daraus gewinnen ließen.

Technologische Verhaltensnetze

Wie die Theorie der Verhaltensnetze (vergl. Kapitel 6.2.3) zum Verständnis evolutionärer Prozesse in der Gesellschaft beiträgt, soll anhand technologischer Probleme aufgezeigt werden. Dabei soll es nicht darum gehen, technische Details zu untersuchen, sondern technologische Probleme in ihrem Bezug auf soziale Handlungen zu verstehen. Die Fragen, die dabei in der Arbeit von D. Bella [3] beantwortet werden sollen, lauten: Wie kann die Technosphäre weit über die Planungskapazität der Ingenieure hinaus funktionieren? Was ist die Gemeinsamkeit aller technologischen Probleme und wieso treten Katastrophen trotz Sicherheitsbemühungen

immer wieder auf?

Das Problem soll ausgehend von einer funktionierenden Technosphäre erörtert werden. Dabei treten schwerwiegende Fehler kaum auf und das System ist in der Lage, alle Anforderungen zu erfüllen. Die entsprechenden Verhaltensnetze sind in Abbildung 6.11 (Seite 92) dargestellt.

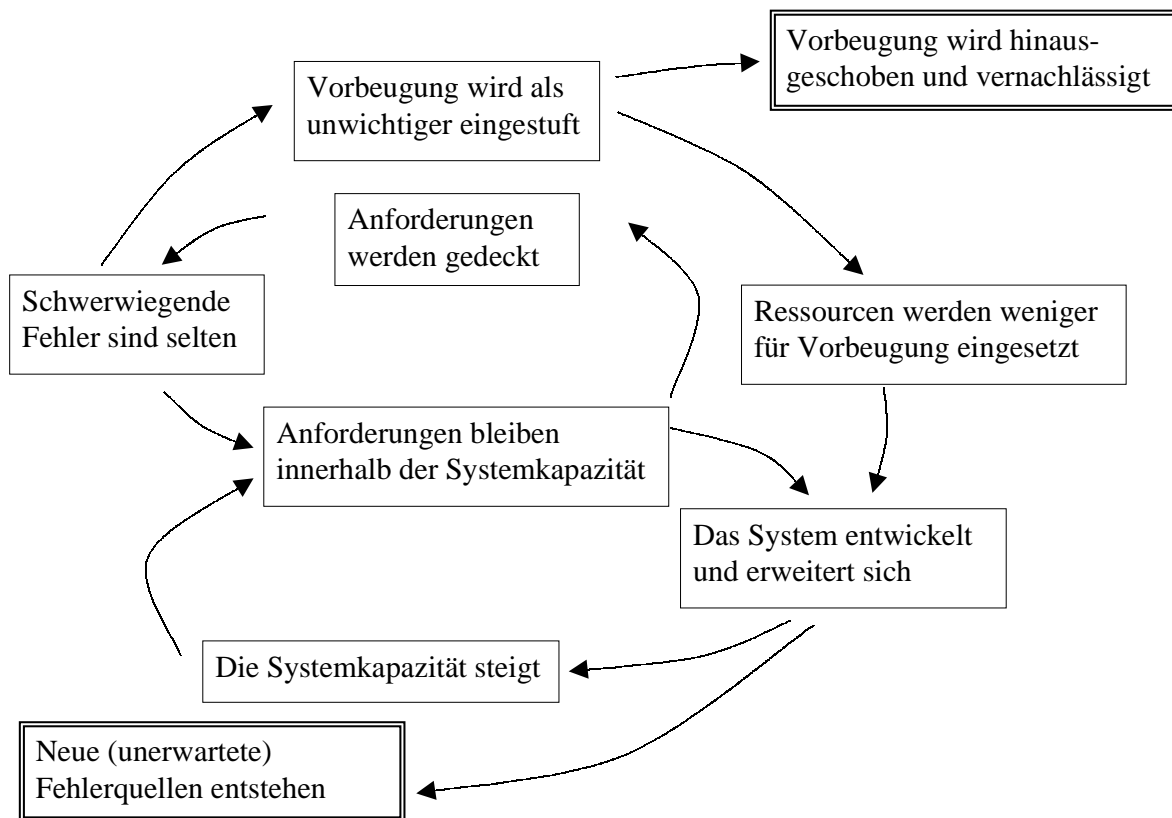


Abbildung 6.11: Durch das Fehlervermeidungsnetz operiert ein technologisches System beinahe fehlerfrei. Dadurch kommt es zur Akkumulation unerwünschter Nebeneffekte.

Es ist verständlich, daß durch den stabilen Betrieb Ängste vor auftretenden Fehlern kleiner werden und gewisse Einsparungen im Bereich der Vorbeugung und Wartung eingeführt werden. Dadurch sammeln sich kleine Nachlässigkeiten in Wartung und Unterhalt oftmals unbemerkt an. Es kann sogar sein, daß gewisse Mängel festgestellt werden, aber im Alltagsbetrieb untergehen. Durch die Erweiterung des Systems entstehen zusätzliche Fehlerquellen, die oftmals nicht erkannt werden. Diese beiden Fehlerquellen (vernachlässigte Wartung und unerkannte Fehlerquellen) sammeln sich in einem „self-organized- Criticality“-artigen Prozeß an. Es ist also nicht vorhersagbar wann und wie heftig es zur Entspannung kommt. Die Entspannung äußert sich als auftretender Fehler, wobei Störungen mit geringem Ausmaß häufiger auftreten als solche mit größerem Ausmaß. Da das technologische System nun zusätzlich zu den normalen Aufgaben auch den Fehler beheben muß, kommt es zu Engpässen, die zu einem Fehlerverstärkungsnetz führen können (Vergleiche Abbildung 6.12, Seite 93).

Das Fehlerverstärkungsnetz wird durch verschiedene Mechanismen wieder abgedämpft. Zum einen werden Ressourcen von außerhalb bezogen und Systemaufgaben auf ein breiteres System übertragen. Zudem kommt es teilweise zu Systemausfällen, welche die Anforderungen reduzieren. Schlußendlich stabilisiert sich das System wieder ganz und geht in ein Fehlervermeidungsverhalten über. Bella behandelt auch, daß einige dieser Abdämpfungsmechanismen

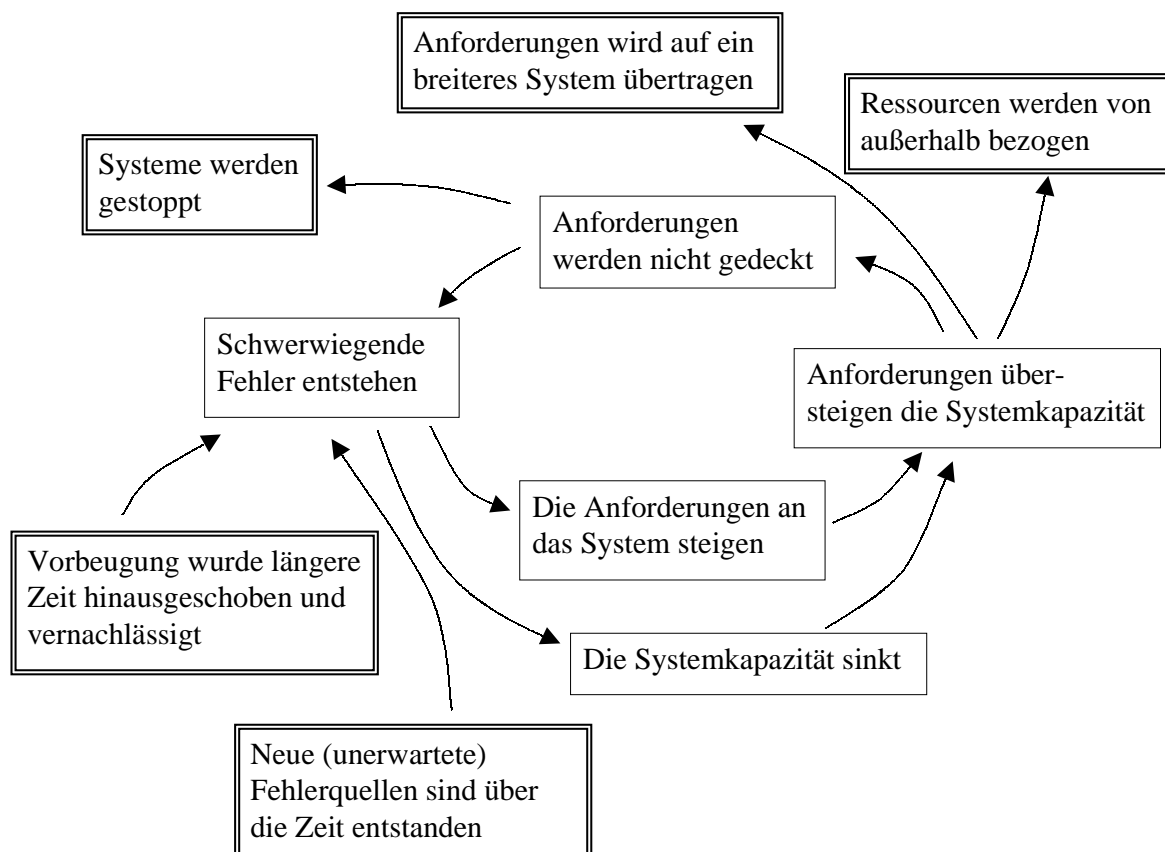


Abbildung 6.12: Das Fehlerverstärkungsnetz wird aus den akkumulierten Nebeneffekten des Fehlervermeidungsnetzes gespeist. Abgedämpft wird das Fehlerverstärkungsnetz durch Abgabe und Nichterfüllung von Aufgaben.

auf dem Niveau der Globalen Technosphäre nicht funktionieren [3], was aber hier nicht weiter ausgeführt werden soll. Aus den beschriebenen Vorgängen ergibt sich ein Zyklus zwischen Fehlervermeidungs- und Fehlerverstärkungsnetz (Vergleiche Abbildung 6.13, Seite 94). Dabei

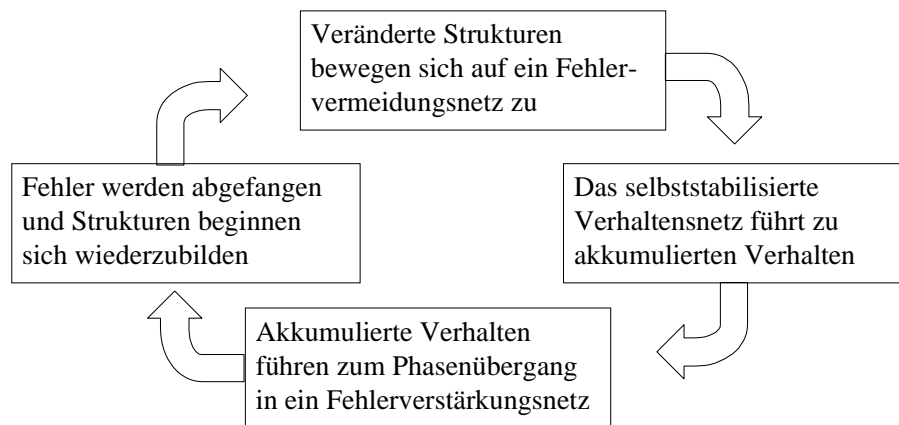


Abbildung 6.13: Fehlervermeidungsnetz und Fehlerverstärkungsnetz eines technologischen Systems ermöglichen sich gegenseitig und wechseln sich ab. Der Zeitpunkt des Phasenübergangs ist dabei nicht vorhersagbar.

kann der Zeitpunkt eines Phasenübergangs und das Ausmaß der Störung nicht vorausgesagt werden. Man kann aber sagen, daß es häufig zu kleineren Vorfällen kommt, aber selten auch zu größeren Ereignissen.

Dieses Beispiel sollte verdeutlichen, wie auch Modelle ohne explizite, mathematische Grundlage gut zur Erklärung von Evolutionsdynamiken beitragen können. Trotz der sehr unterschiedlichen Ansätze der Bool'schen Netzwerke und der Verhaltensnetze wurden doch einige ähnliche Eigenschaften für die Evolution komplexer Systeme gefunden, wie die Diskussion nun nochmals zeigen soll.

6.4 Diskussion

In der Einleitung wurde angekündigt, die beiden Ansätze zur Erklärung von Evolutionsdynamiken auf folgende Punkte zu untersuchen: Modellaufbau, erklärbare Phänomene, Zulässigkeit der Vereinfachungen, Gewinn aus der Modellierung und die Verwendung von Metaphern. Die Diskussion ist so gegliedert, daß diese Punkte nun einzeln abgehandelt werden.

Modellaufbau Es hat sich deutlich gezeigt, auf wie unterschiedlichen Grundlagen die verglichenen Modelle aufbauen. Bei den Bool'schen Netzwerken liegt eine einfache, klare mathematische Grundlage vor. Es handelt sich um simple Strukturen, die sehr komplexe Vorgänge erklären sollen. Trotzdem liegt gerade in der Einfachheit der Modelle der spezielle Charme. So liegt auch die Kritik an Kauffman kaum bei der mathematischen Behandlung der Modelle, sondern hängt mit dem hohen Abstraktionsgrad zusammen. Dabei wird häufig Kritik geäußert, die den Zusammenhang zwischen dem Modell und der Realität anzweifelt. Aber dieser Punkt soll im übernächsten Abschnitt ausführlicher behandelt werden.

Durch die hohe Abstraktion ergibt sich das Problem, daß sich das Modell für konkrete Fälle nicht mehr parametrisieren läßt. Damit muß eine andere Datengrundlage gefunden werden.

Kauffman greift dabei auf Zufallsdaten zurück. Daher wird Kritik laut, daß zufällig zusammengesetzte Modelle auch zufällige Ergebnisse liefern müssen und damit keineswegs Aussagen über das Verhalten eines konkreten Systems geben. Zudem benötigen solche Zufallsmodelle eine hohe Anzahl an Durchläufen und damit eine hohe Rechenkapazität (heute kaum mehr ein Problem) und hohe Datenaggregation (wo auch heute noch Gefahr besteht, wichtige Faktoren zu übersehen). Und tatsächlich läßt Kauffman in seinen Modellen manchmal die Zwänge außer Acht, die eigentlich seinen Modellen zu Grunde liegen sollten, um dann am Ende zu zeigen, daß sein zufälliges Modell die gewünschten Eigenschaften des Speziellen zeigt.

Ganz ohne formelle Mathematik kommen hingegen die Verhaltensnetze aus. Es wird lediglich die gegenseitige Begünstigung einzelner Verhaltensweisen aufgezeigt. Daraus ergeben sich dann Netzwerke, die gegenüber äußeren Einflüssen recht stabil sind. Der Ansatz liefert neben einigen grundlegenden Aussagen über die Stabilität solcher Netze (nämlich das verzweigte Strukturen stabiler sind) wenig allgemeine Erkenntnisse zu komplexen Systemen. Dafür läßt sich die Technik im Gegensatz zu den Bool'schen Netzwerken sehr gut auf konkrete Fälle anwenden. Obwohl die endgültigen Abbildungen sehr einfach und einleuchtend erscheinen, ist es ein langer Prozeß, diese zu entwickeln. Die Modelle von Bella werden oft darauf kritisiert, daß die einzelnen Verhalten zuwenig genau charakterisiert werden. Dabei wird meist nicht erkannt, daß aber die Verhaltensweisen aus dem Zusammenhang heraus sehr genau definiert sind.

Modellierbare Phänomene Hier sollen ganz kurz grundlegende Voraussetzungen aufgezeigt werden, damit ein System durch eines der Modelle abgebildet werden kann. Darauf soll nochmals aufgezeigt werden, welche Phänomene in dieser Arbeit nun konkret durch die Modelle erklärt werden konnten.

Bool'sche Netzwerke benötigen im zu modellierenden System als Grundstruktur immer vernetzte Knoten in irgend einer Form. In dieser Arbeit waren das zum Beispiel die einzelne Gene in der DNS und die einzelnen Produktionsschritte im Produktionsprozeß. Um die Methode der Verhaltensnetze anwenden zu können, sind Prozesse notwendig, die positiv rückgekoppelt sind. Oftmals sind diese aber zu Beginn nur schwer oder gar nicht zu erkennen. Deshalb kann sich die Suche nach Verhaltensnetzen auch lohnen, wenn der Ansatz zunächst nicht geeignet scheint.

Mit Hilfe der Bool'schen Netzwerke konnten die folgenden Phänomene (zumindest teilweise) erklärt werden. Wichtige Merkmale bei der Entstehung katalytischer Netzwerke als Anfang des Lebens auf der Erde wurden beschrieben. Auch die Masse an unterschiedlichen Organismen, welche durch die Kambrische Explosion entstanden sind, ist durch das Modell erklärbar, genau so wie das spätere Aussterben vieler Arten während der Perm-Extinktion. Ähnlich läßt sich auch die zu Beginn große Variabilität bei technischen Entwicklungen, die allmählich kleiner wird, erklären. Zudem ist das NK-Modell geeignet, um eine Vorstellung über die Abläufe der Koevolution zu erhalten. Schätzt man die Anzahl verschiedener Zelltypen in Lebewesen als Zahl der möglichen Attraktoren von genetischen Netzwerken, so trifft mal die tatsächlich gefundene Anzahl erstaunlich genau. Zudem kann man die Verbilligung von Produkten mit wachsenden Stückzahlen gut mit einem NK-Modell erklären.

Der Ansatz der Verhaltensnetze wurde in dieser Arbeit nur auf zwei konkrete Beispiele angewandt. Dies war eine Erklärung für das Nicht-Sporttreiben. Außerdem wurde aufgezeigt, wie sich technologische Katastrophen anbahnen und wieso diese kaum vermeidbar sind. Gleichzeitig konnte aber auch gezeigt werden, wieso das System trotzdem sehr zuverlässig funktioniert. Weitere Anwendungen für Verhaltensnetze, die hier nicht vorgestellt wurden sind: Unzureichendes Lernen in der Ausbildung, Verzerrung von Informationen in Firmen und Behörden, Funktionsweise des Sklavensystems und weitere...

Zulässigkeit von Vereinfachungen Wie bereits zuvor erwähnt, bedeutet die Anwendung Bool'scher Netzwerke als Modell für reale Systeme eine sehr hohe Abstraktion. Gerade da findet sich am meisten Kritik an Kauffman. Zum Beispiel kritisiert Harpaz [5] das Buch „At Home in the Universe“ ausführlich und wirft der Argumentation von Kauffman allerlei Schwächen vor. Er zweifelt sogar am Verständnis Kauffmans für biologische Phänomene. Auch als ausgebildeter Chemiker bin ich beim Lesen oft überrascht über die im Buch getroffenen Annahmen. Diese Überraschung schwankt zwischen Erstaunen über die geniale Einfachheit und Kopfschütteln über getroffene Vernachlässigungen. Es schadet aber bestimmt nicht, einiges als mögliche Grundidee zuzulassen und kritisch weiter zu verfolgen. Da es in „At Home in the Universe“ um eine Möglichkeit zur Entstehung des Lebens geht, stammen auch viele Kritikpunkte aus einem religiös argumentierenden Dunstkreis, welche hier nicht weiter verfolgt werden sollen.

Bei den Verhaltensnetzen findet sich das Problem der hohen Abstraktion, wie bereits erwähnt wurde, nicht. Hingegen kann man kritisieren, daß negative Rückkopplungen in den Verhaltensnetzen vernachlässigt werden. Es ist bekannt, daß diese ein System stabilisieren und wohl auch in einigen der hier gezeigten Verhaltensnetze eine wichtige Rolle spielen. Hierzu ist zu bemerken, daß auch die Verhaltensnetze kein getreues Abbild der Wirklichkeit sein sollen, sondern vielmehr eine mögliche, oft nicht erwünschte, Entwicklungsweise darstellen sollen. Die Erkenntnis über die mögliche Entwicklung und das Zusammenwirken der einzelnen Verhaltensweisen lassen es dann zu, auf eine Gegensteuerung zu achten.

Bella selbst weist auf eine viel häufiger getroffene Vereinfachung in solchen Systemen hin. Oftmals wird in solchen Verhaltensnetzen alle Schuld einem Beteiligten oder einem gewissen Umstand zugewiesen. Rückkopplungen werden bisher meist gänzlich weggelassen, ob dämpfend oder verstärkend.

Gewinne aus den Modellen Bei beiden Ansätzen konnten allgemeine Erkenntnisse über evolutionäre Prozesse in komplexen Systemen gewonnen werden. Da bei den Bool'schen Netzen mit Zufallsdaten gearbeitet wird, können die gefundenen Eigenschaften teilweise auch auf die Evolution hier nicht explizit behandelte komplexer Systeme übertragen werden. Aber auch bei den Verhaltensnetzen wurden allgemeine Aussagen gefunden. Die wichtigsten sollen hier kurz aufgezählt werden:

- Bei beiden Ansätzen wurde eine *Grundvorstellung* dynamischer, komplexer Systeme gefunden. Bei den Bool'schen Netzwerken sind es die korrelierten Fitnesslandschaften, welche bei „richtigem“ Verknüpfungsgrad entstehen. Evolution wird dann als Wanderung auf dieser Landschaft aufgefaßt, wobei das Evolutionsresultat mit hoher Wahrscheinlichkeit effizient oder fit ist, da höhere Optima in solchen Landschaften auch größere Attraktorbecken besitzen. Auch die hohe Stabilität der zugrundeliegenden Bool'schen Netzwerke durch die „gefroren“ Regionen ist charakteristisch.

Bei den Verhaltensnetzen ist es die hohe Wahrscheinlichkeit solcher Netzwerke, die eine neue Erkenntnis darstellt. Sowohl die Notwendigkeit (wichtig für die Stabilisierung sozialer Normen) als auch die Gefahr solcher Systeme läßt sich erahnen, da bei der Entstehung keine Auswahl nach gewünschten und ungewünschten Konsequenzen erfolgt.

- Prozesse, die die Eigenschaften der *self-organized Criticality* besitzen sind in beiden Ansätzen von Bedeutung. Bei den Bool'schen Netzen waren dies Übergänge zwischen verschiedenen Attraktoren. Aber auch bei den gekoppelten Bool'schen Netzwerken, welche als Modell für Koevolution dienen waren solche Prozesse von Bedeutung. Auch bei den Verhaltensnetzen war der Übergang von einem Netzwerk zum anderen durch einen solchen zufälligen Prozeß bestimmt.

- In beiden Ansätzen war auch *Unvorhersagbarkeit* wichtig. So ist die Form der Fitnesslandschaft für ein evolvierendes System abgesehen von der direkten Umgebung unzugänglich. So erkennt ein evolvierender Organismus nicht, ob er nur ein lokales Optimum in der Fitnesslandschaft erreicht hat. Und auch bei den Verhaltensnetzen sind die wirkenden Rückkopplungskreise oft nur sehr schwer erkennbar. Bella weist darauf hin, daß besonders dann mit versteckten Verhaltensnetzen zu rechnen ist, wenn engagierte Personen Frustration erleben. Ist ein Verhaltensnetz erst einmal verstanden, lassen sich kreative Lösungen zu den bestehenden Problemen suchen, statt blinde Symptombekämpfung zu betreiben.
- Auch die *bisherige Entwicklung* des Systems ist bei beiden Ansätzen entscheidend für die momentane Position des Systems. Dabei scheinen insbesondere Störungen maßgebend zu sein, da sie die Entwicklung ablenken.

Nutzen aus Metaphern In der Einleitung (vergleiche Kapitel 6.1.1) wurde beschrieben, wie das Extensionsgedächtnis der ideale Teil des Gehirns sei, um mit komplexen Systemen umzugehen. Natürlich muß aber oft auch analytisches Denken eingesetzt werden, um konterintuitive Sachverhalte verstehen zu können. Es geht meist darum, im richtigen Moment das richtige System einzusetzen. Wo liegt also der Nutzen von Metaphern?

Bekanntlich besteht ein Unterschied zwischen intellektuellem Wissen (Dörner nennt dies Eunenwissen) und „Handlungswissen“, das in entsprechenden Situationen dann auch eingesetzt werden kann [4]. So kann man nach einer Erklärung über die Funktionsweise und Bedienung eines Autos noch lange nicht fahren. Genau bei dem Übergang von intellektuellem Wissen zu Handlungswissen vermuten wir den größten Nutzen von Metaphern. Metaphern sollen helfen, die Charakteristik eines Systems in einer Handlungssituation zugänglich zu machen, daß man sich Modellverhalten besser merken kann, aber auch, daß man sich in einer gegebenen Situation daran erinnert. Ob dies durch Metaphern tatsächlich erreicht wird, bliebe nachzuweisen.

Bei einer weiteren Stelle im Umgang mit komplexen Systemen könnten Metaphern helfen, den Umgang zu erleichtern. Dörner zählt als eine der wichtigen analytischen Funktionen das bilden von Analogien. Gerade hier sind Metaphern unheimlich hilfreich, Eigenschaften von einem bekannten System auf ein unbekanntes zu übertragen. Die hier dargestellten Vorteile von Metaphern sind alle bisher wissenschaftlich nicht nachgewiesen und so bleibt es dem Leser überlassen, sich seine Meinung zu bilden. Hoffentlich war das Lesen dieser Arbeit jedoch anregend.

Literaturverzeichnis

- [1] AUERSWALD, Philip, KAUFFMAN, Steward, LOBO, José, SHELL, Karl, (2000) *The production recipes approach to modeling technological innovation: An application to learning by doing*, J. of Econ. Dynamics and Control, 24,389-450
- [2] BELLA, David A. (2000) *Lecture Notes CE459: Contemporary Technology*, Oregon State University
- [3] BELLA, David A. (1998) *Technology, Population, and Climate Change*, Oregon State University
- [4] DÖRNER, Dietrich (1993) *Die Logik des Misslingens, Strategisches Denken in komplexen Situationen*, Rowohlt Taschenbuch Verlag, Hamburg
- [5] HARPAZ, Yehouda (o.J.) *At home in the Universe by Stuart Kauffman*, <http://human-brain.org/kauffman.html>.
- [6] KAUFFMAN, Steward, LOBO, José, MACREADY, William G., (2000) *Optimal search on a technology landscape*, J. of Econ. Behavior and Organization, 43, 141-166
- [7] KAUFFMANN,Stuart (1995) *At Home At The Universe*,
- [8] KAUFFMANN,Stuart (1993) *The Origins of Order*, Oxford University Press Oxford
- [9] KAUFFMAN, Stuart(1991), *Antichaos and Adaption*; Scientific American, 64-70 Oxford University Press Oxford
- [10] KUHL, Julius (2000) *A functional-design approach to motivation and volition: The dynamics of personality systems interactions*, M. Bookaerts, P.R. Pitrich, M. Zeidner (Eds), *Self-regulation: Directions and challanges for future research*, NY, Academic Press
- [11] SOMOGY, Roland; SNIEGOSKI, Carol Ann(1996) *Modeling the Complexity of Genetic Networks: Understanding Multigenic and Pleiotropic Regulation*; Complexity 1,6 45 - 62
- [12] WOLFRAM, Stephen (199?) *Titel*, Verlag

Kapitel 7

Complex Adaptive Systems Distributed Control

Tobias Niemann

Talk held on June 25, 2002

Abstract

Distributed Control is a more and more important way of controlling and organizing complex processes. In fact sometimes it's the only way left to control machines, factories or in general, systems.

In this context *Distributed Control* signifies a distribution of responsibility and a distribution of control. Parts of the system have to work independently gathering the information needed for proper functioning through sensors or by a more or less direct connection with other parts of the system. The aim of such control systems is to guarantee a flawless functionality in systems which are too complex for human control.

In this paper I'll first give an introduction to *Complex Adaptive Systems* (CAS), go on to *Distributed Control* (DC) and give a short overview of *Complex Adaptive Systems* and *Distributed Control* in technical systems.

As a second part I'll give two examples of *Distributed Control*. One is *Open Shortest Path First* (OSPF), an internet core routing protocol, the other is *Distributed Control* in power plants.

7.1 Part I

7.1.1 Introduction to *Complex Adaptive Systems*

Why does *Distributed Control* fit in the area of *Complex Adaptive Systems*?

It's simple to answer. Systems in our days tend to be more and more complex. Quite often for a single person it is impossible to keep control over one or more machines. Sometimes it even is not controllable for two or more people. At this point responsibility has to be shared and work has to be divided into parts so things get easier to manage. But with many people controlling a system it is difficult to distribute control so nothing will fail. There is a need for a mechanism that organizes the distribution of control. It should be flexible enough to react on changes and therefore helps keeping the system up and making it maintainable again.

This, of course, can be done with the help of *Complex Adaptive Systems*. A *Complex Adaptive*

System takes the place of a coordinator, a person that knows everything and decides what to do and places orders to others. This person is and must be able to react on changes of the system he is in charge for. He is *adapting* his well known methods to the new conditions. And exactly this person and the ways he acts and reacts is rebuilt in a *Complex Adaptive System*. The former uncontrollable system is now helping itself. With such an adaption further improvement becomes possible again.

7.1.2 Introduction to *Distributed Control*

In complex systems centralized control often is unmanageable. This can be because of several reasons. One reason might be a too far distance between parts of the system. An example is the distance between Mars and Earth. A radio signal sent from Earth to steer a robot running towards a canyon needs about eight minutes to reach the robot. In this case this would be far too long and the robot would be lost. On the other hand, a robot reacting only on his own isn't a good idea either. Besides horror visions of cyborgs killing half mankind this can be shown in an example too. As long as human eyes are better than neural networks analyzing video pictures taken by such a roboter it can easily happen that his direction of movement has to be changed to analyse something discovered from Earth. This would not be possible if the robot only controls himself. The solution is quite simple although difficult to implement. The robot is able to go on his own but it can be allocated to do something else by orders from Earth.

Another reason can be complexity. It is way too complex for a single person to navigate a huge cruise ship through the river Ems. It needs a very good navigation system, lots of helpers and even other ships pulling the cruise ship backwards and to the side.

A third reason might be security. A single person responsible for the proper functioning of a nuclear power plant just is not a good idea. There have to be many systems before and beside the humans to watch the reactor and control all the things needed.

Of course there are lots of other reasons but these three already show how important *Distributed Control* is. At first *Distributed Control* means giving away control. But distribution doesn't mean loss of control. In fact distribution **may not** mean loss of control. But by giving away some parts of control the system as a whole gets controllable again.

7.1.3 CAS & DC in technical systems

After explaining the basics of *Complex Adaptive Systems* and *Distributed Control* there is still one question left. What is meant by adaptivity when talking about technical systems? What is able to adapt? Machines? Computers? Hardware? Software?

In software based adaptivity and *Distributed Control* there are two kinds of approaches. Rather simple and more complex ones. The simple ones for example can be automatic software updates if needed or automatic software or file restoring in case another application or a careless user deleted something that is necessary for proper functioning. The more complex approach can be monitoring and learning algorithms like the neural network analyzing video images mentioned before. Another example are self-teaching algorithms or genetic algorithms that are able to really adapt to new situations by changing their code or the code of different programs.

Compared to software based adaptivity hardware based adaptivity is by far not as easy to see. There are still no self-repairing computers or self-repairing printed circuit boards although many institutions like NASA are doing research on or holding workshops about it [Nas00][Nas02][Nas98]. One thing that already exists is a self-repairing and self-healing electronic watch, called Bio-

Watch, but this is far away from a whole machine or computer that can repair itself [Sta01, p. 112-127].

So what exactly is an adaptive system together with *Distributed Control*? Is it an autonomic system? Does this mean control over the system gets lost because it now is autarkic? This would be a great danger! Software for example generally is too complex to be fail-safe. In addition software often is sold too early (ship-then-fix mentality) and last but not least it can't think and therefor can't be responsive to new situations by itself. But especially this is something humans are capable of.

The solution to this problem is rather simple. As long as proper functioning can't be assured *Distributed Control* and adaptivity shouldn't be used alone in essential situations. Also autonomic systems without supervision of humans shouldn't be used in vital environments like hospitals. If this is done there is no reason to be afraid of complex systems not being in complete control of humans.

7.2 Part II

7.2.1 Open Shortest Path First

OSPF is a routing protocol. Internet router use this protocol to talk to each other about routes for packets. This is necessary because quite often routes break down and disappear or come into existing. To be as efficient but as fail tolerant as possible *OSPF* is a link-state protocol. This means the router doesn't share information about the entire network with it's neighbours. Instead of that information about neighbors is being shared with the entire network. This keeps the amount of information sent around and therefor the traffic low because only changes of the topology are sent to other router.

Every router has a *Link-State Database* with its neighbours in it. The router itself is responsible to maintain this database and keep it up to date. If anything changes it sends notifications around. On the other side it listens to notifications sent by others. To keep those networks rather small the network of router can be divided into areas. An area is a collection of hosts, router and interconnected networks. To exchange information between areas *area border router* are needed. This ensures that information can be spread around but the amount of traffic inside an area can be kept small.

But this only is distributed and not a real *Distributed Control*. The interesting part is the election of a so called *Designated Router* and its substitute the *Backup Designated Router*. A *Designated Router* is a receiver of *Link State Advertisements* and the only sender of *Link State Updates*. A *Link State Advertisement* is a part of information describing the network, the router and other information needed for sending information around. The collections of *Link State Advertisements* form the *Link-State Database*. A *Link State Update* is a packet carrying *Link State Advertisements* and thus the update information needed by other router. The *Designated Router* listens on multicast adress 224.0.0.6 and sends on multicast adress 224.0.0.5. It's main function can be described as waiting for *Link State Advertisements* and sending *Link State Updates* to other router.

In OSPF there is a special packet for sending information and electing *Designated Router* and *Backup Designated Router*. This packet is called *Hello* packet. It is sent on out on each functioning router interface using multicast adress 224.0.0.5 and is used for discovering and maintaining neighbor relationships, therefor it periodically is sent again. If there is no response the link or router are assumed to be down.

For other router the *Designated Router* is the only neighbor. For the *Designated Router* all other router are neighbors. This was made to reduce the size of the *Link-State Database*. It also improves the speed of the *shortest-path-first* calculation. This calculation is used for building graphs representing the links between router. Without this *Designated Router* the database would be much bigger. A database for a network containing 25 router without a *Designated Router* would have about 600 entries. One with a *Designated Router* has about 50 entries.

The *Backup Designated Router* is also a receiver of *Link State Updates* so it stays up to date. Therefore it also listens on multicast address 224.0.0.6 and gets the new *Designated Router* when the old one is gone. It is needed to keep the time of unavailability of the network as small as possible if the *Designated Router* needs to be replaced.

The rules for becoming a *Designated Router* or a *Backup Designated Router* are as followed:

- If no *Designated Router* in a new network is present, the first router gets the *Designated Router*.
- If less or equal 2 router are present, the higher router priority (set by system administrators) gets the *Designated Router* (priority 0 can't turn into a *Designated Router*).
- If router priorities are equal the router ID turns the balance.
- The second highest router priority turns into the *Backup Designated Router* (the same rules break ties).
- Router with higher priority than the *Backup Designated Router* doesn't turn into the *Designated Router* only the *Backup Designated Router* does.

The advantages of this procedure are huge. Changes are propagated quickly and after initialisation only updates are sent. Also such a network can be logically segmented into areas and the best, it is an open standard. That means it is free and can be implemented without any costs.

The disadvantages are that *Open Shortest Path First* is very processor intensive thus needs special hardware. For building the internal routes and calculating them it also needs lots of memory. And at last with a fast bouncing link (for example a router connected via laserbeam pointing through fog or a wireless connected computer and lots of interference) OSPF messages dominate the network [Iet98][Sch02].

Over all this is a very good example of *Distributed Control* in technical systems. For humans it is impossible to calculate and set all the best routes for traffic in the whole internet. But by giving away the process of calculating and maintaining these routes but keeping the ability to stop everything the internet was able to speed up and grow by still staying reliable.

7.2.2 Distributed Control in power plants

The second example is *Distributed Control* in power plants. The problems are transporting power over far distances between interconnected power plants and power networks and the connection itself. The voltage and the ampacity have to be kept stable. This means the power produced and the power consumed have to stay equal. To make this possible power plants and power networks are interconnected. But managing this connection and reacting on the consumption of power is not easy. By all means it is impossible for a few humans to do this without technical help.

Another problem is the state of open markets versus the national regulation. After a few years of open markets in California and decreasing prices for energy the local government decided

to control the market and regulate the prices when companies started raising them again. This led many Companies to huge financial problems and some of them went bankrupt. This again led to one of Californias biggest energy crisis ever because there now was not enough energy during summer.

To solve these problems the complexity of this system needs to be reduced to make modeling possible. There are two main ways to solve the already mentioned problems by modeling. The first way is distributed sensing and control, the second is simulation of evolving business strategies. This leads to an intelligent agent-based distributed control as the only practical way to achieve true real-time dynamic control.

With distributed sensing and control several things are meant. One is an automated distributed control of geographically dispersed but globally interconnected power networks. An other is artificial intelligence-based, self calibrating, self-diagnostic sensors for measurement. A third are a local autonomous, intelligent controllers for modeling local conditions and for communicating. And last there is a cluster of local controllers that act as a parallel distributed computer that leads to global optimization and facilitate recovery after failure.

The simulation of evolving business strategies in the other hand can be a perfect testbed for “what if” studies. It gives an insight into the evolution of the electric enterprise. Overall the simulation will test if a central authority is required or not and if free economic cooperation and competition leads to a more stable, secure and efficient network and therefor benefits everything [Wil97, p. 77-88].

All together this is a very promising approach. Especial in the area of reliability it can be a great help and can result in fewer problems regarding power failure and network breakdowns. All the same it is dubious if this concepts can work company spanning. Company policies often block transfer of knowledge and helping each other. And at last distributed sensing and monitoring is very extensive and complex. It can't be done within days it needs longer preparations and continuous monitoring.

7.3 Summary

Combined can be said that *Distributed Control* is useable for automated and complex tasks. Besides that it can be used in cooperation with agents for simplifying modeling and thus allowing complexer systems to be modeled, too. But due to the fact that *Distributed Control* is software based and software is very complex and tends to fail, it shouldn't be forgotten to keep a back door for manual operation.

As long as there is a plug that can be pulled to stop the system and prevent it from getting worse, *Distributed Control* ist nothing to be afraid of!

Literaturverzeichnis

- [Iet98] IETF - Internet Engineering Task Force, OSPF Version 2, Request for Comments: 2328, April 1998, <<http://www.ietf.org/rfc/rfc2328.txt>>, 30.09.2002
- [Nas00] Nasa, “The Second NASA/DoD Workshop on Evolvable Hardware“, 28.09.2000, <<http://ic.arc.nasa.gov/~eh2000/slides.html>>, 30.09.2002
- [Nas02] Nasa, “NASA SBIR/STTR“ , Langley Research Center - Materials and Structures, 04.06.2002, <<http://sbir.nasa.gov/SBIR/sttr2001/phase1/topic3.html>>, 30.09.2002
- [Nas98] Nasa, “Protocell and Evolutionary Cell Computing Project“, 28.12.1998, <<http://ic.arc.nasa.gov/projects/ecc/>>, 30.09.2002
- [Sch02] Jürgen Schönwälder, Rechnernetze, Vorlesungsskript zur Vorlesung SS 2002, 11.07.2002, <<http://www.vorlesungen.uos.de/informatik/net02/rn.pdf>>, 30.09.2002
- [Sta01] André Stauffer, Daniel Mange, Gianluca Tempesti, Christof Teuscher, A Self-Repairing and Self-Healing Electronic Watch: The BioWatch, in Y. Liu et al., editors, Evolvable Systems: From Biology to Hardware. Proceedings of the 4th International Conference on Evolvable Systems, ICES’2001, October 3-5, 2001, Tokyo. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 2210, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, 2001, pages 112-127, <http://www.teuscher-research.ch/download/christof/papers/stauffer_ices2001.pdf>, 2001
- [Wil97] A. Martin Wildberger, Complex Adaptive Systems: Concepts and Power Industry Applications, in Control Systems, Volume 17 Number 6, December 1997, pages 77-88

Kapitel 8

Evolutionary Software Engineering - Tierra

Alexander Meyer, Ba Kien Tran

August 2002

Abstract

Thomas Ray is developing the tool *Tierra* (spanish for earth) since 1989, which produces digital life on the computer. Starting with a single ancestor creature, many different digital creatures evolve after several time steps in *Tierra* by evolution. In addition to the optimization of the creatures by themselves, co-evolution among each other occurs. The search for a better understanding of evolution was T. Ray's original motivation for the origin of *Tierra*. Because of the high potential of evolution in the digital medium, the development of software by evolution is another goal of *Tierra* now.

8.1 Motivation

Die Biologie sollte zum besseren Verständnis der Evolution alle Formen des Lebens erforschen. In der Praxis hat die Biologie sich nur auf eine einzige Instanz von Leben beschränkt, nämlich auf Kohlenstoff basierendes Leben der Erde. Das Leben auf der Erde ist zwar vielfältig, es hat aber wahrscheinlich die gleiche Abstammung. Es ist also Teil einer einzigen Phylogenese. Man kann somit nicht zwischen den speziellen Eigenschaften des Lebens auf der Erde und den generellen Eigenschaften des Lebens unterscheiden. Um ein Vergleich ziehen zu können, müsste man die Evolution auf anderen Planeten über Millionen von Jahren beobachten. Außerdem müsste für Experimente auch die Erschaffung verschiedener Planetensysteme möglich sein. Eine praktikable Alternative dazu ist synthetisches Leben auf dem Computer zu erzeugen. (vgl. [Ray92, S.2f])

8.2 Ziele

Die Zielsetzung ist nicht organisches Leben zu simulieren, sondern Lebensformen zu synthetisieren, die auf einer komplett anderen Physik und Chemie basieren. Die Entwicklung dieser synthetischen Lebensform ist eine künstliche Evolution in einem anderem Medium. Das Ziel

ist ein Werkzeug zur experimentellen Studie von Evolution herzustellen. Mit diesem Werkzeug kann man unabhängige Fälle von Evolution erzeugen und sie als Grundlage zur Erforschung der generellen Eigenschaften des Lebens nutzen. (vgl. [Ray92, S.3f])

Zur Synthetisierung von Leben muss zunächst eine Definition von Leben gefunden werden, die es nicht auf eine kohlenstoffbasierte Form einschränkt. Es ist sehr unwahrscheinlich, dass man sich auf eine Definition einigen kann. Wahrscheinlich kommt man sogar auf den Gedanken, dass das Leben kohlenstoffbasiert sein muss. Für die Synthetisierung des Lebens in Tierra hat man sich einfach auf zwei Kriterien geeinigt, die erfüllt sein müssen, damit man ein System als lebendig ansieht. Erstens sollte synthetisches Leben zur Selbstreplikation und zweitens zur offenen Evolution fähig sein. (vgl. [Ray92, S.3]) Computerviren sind zwar fähig zur Reproduktion, aber glücklicherweise nicht zur Evolution. Solche Programme werden nicht als lebendig angesehen. Die meisten Simulationen von Evolution sind nicht offen. Meistens stellt eine Datenstruktur das Genom dar, das durch das Simulationsprogramm gemäß den Vorgaben des Programmierers mutiert, rekombiniert, selektiert und repliziert wird. Die Datenstrukturen selbst enthalten nicht die Mechanismen zur Reproduktion. Sie werden einfach durch den Simulator kopiert, wenn sie die Selektionsphase überleben. Somit ist der Mechanismus der Selektion durch den Simulator vorgegeben. Die Organismen können nicht ihre eigene Fitnessfunktion entwickeln.

Das digitale Medium soll nicht auf organisches Medium getrimmt werden. Das digitale Leben basiert nicht auf einem materiellen, sondern einem logischen Medium. In diesem herrschen natürlich ganz andere physikalische Gesetze. Es gibt hier keine thermodynamischen Gesetze und keine euklidische Topologie. Im RAM sind alle Punkte equidistant. Die Entfernung entspricht der Zeit, die benötigt wird, um Daten von einem Punkt zum anderen Punkt zu bringen. Demnach sind Daten im Cache näher zusammen als Daten auf der Festplatte.

8.3 Tierra

Tierra ist spanisch und bedeutet Erde. Es wurde von Thomas Ray seit 1989 entwickelt. Der Entwickler Thomas Ray wurde 1951 geboren und ist Doktor der Biologie. Von 1974 bis 89 hat er ein Regenwaldstudium in Costa Rica absolviert. Ab 1989 hat er an Tierra gearbeitet und ab 93 arbeitete er für die Advanced Telecommunications Research (ATR) in Japan. Seit 98 ist er Professor für Zoologie und Informatik an der Universität Oklahoma.

8.3.1 Einführung

Die digitalen Lebewesen bestehen aus einem selbstreplizierenden Assemblerprogramm. Die Sequenz von Anweisungen entspricht dem Genom des organischen Lebens. Organische Lebewesen nutzen Energie, um Materie zu organisieren. Digitales Leben benutzt CPU-Zeit um Speicherplatz zu organisieren. Daher entspricht die CPU-Zeit der Energie. Die Maschinenprogramme belegen Platz im RAM-Speicher. Der Speicher entspricht somit dem materiellen Raum des organischen Lebens. (vgl. [Ray92, S.5])

Vor etwa 600 Millionen Jahren gab es ein Schub in der Evolution. Es entstanden plötzlich sehr viele neue Arten, von denen viele nur kurz existierten. Dieses Ereignis nennt man kambrische Explosion. Tierra entspricht diesem zweiten Hauptereignis in der Geschichte des Lebens, der

Entstehung der Diversität. Es wird nicht versucht präbiotische Bedingungen zu erzeugen, damit Leben entsteht, stattdessen wird die künstliche Welt mit einem ersten Lebewesen mit 80 Anweisungen geimpft und versucht eine Erhöhung der Diversität und Komplexität der Organismen zu erreichen. (vgl. [Ray92, S.4])

8.3.2 Der Virtuelle Computer

Die Computer sind zur Emulation von jedem anderen Computer fähig. Dies kann man nutzen um einem Computer zu entwerfen, der besonders für synthetisches Leben geeignet ist. Es gibt einige gute Gründe warum man nicht versuchen sollte synthetische Lebewesen auf einem echten Computer zu erzeugen. Ein wichtigster Grund ist, dass durch die Evolution von Maschinencode möglicherweise Viren oder Würmer entstehen. Diese wären sehr schwer zu bekämpfen, da sie ständig ihre Anweisungen ändern würden. Programme eines virtuellen Computers würden für reale Computer nur Dateien sein. Ein anderer Grund den Computer nicht als Hardware zu realisieren ist, dass die teure und spezialisierte Hardware schnell veraltet sein würde. Der virtuelle Computer ist zwar langsamer, man hat aber den Vorteil der Plattformunabhängigkeit. Der Tierra Computer läuft auf DOS, Windows, Macintosh, Unix und Amiga. Ein dritter Grund ist, dass Maschinensprachen nicht auf Evolution ausgerichtet sind. Programme, die durch Mutation oder Rekombination entstehen, sind so gut wie immer nicht funktionsfähig.

Tierra ist ein virtueller paralleler Computer vom MIMD Typ. MIMD bedeutet multiple in multiple data. Er hat für jedes Lebewesen einen eigenen Prozessor. Die Parallelität wird emuliert indem jede CPU der Reihe nach eine kurze Zeit ausgeführt wird. Jede virtuelle CPU wird durch eine C Struktur definiert. Die CPUs enthalten zwei Address Register, zwei numerische Register, ein „flag“, einen „stack pointer“, einen „stack“ und einen „instruction pointer“. Das Lebewesen endet bei der Adresse ax und beginnt bei bx. Cx ist die Größe des Lebewesens. Die Flag zeigt den Fehlerstatus an. Im Stack ist Platz für Anweisungen. Die Anweisungen führen einfache arithmetische Operationen oder Bitmanipulationen innerhalb der Register der CPU aus. Es gibt auch Anweisungen, die Daten innerhalb der Registern der CPU, oder zwischen dem Hauptspeicher und den Registern verschieben. Der instruction pointer kennzeichnet die Adresse im RAM, wo der Maschinencode des Lebewesens ist, der dann auch durch Anweisungen im Stack der CPU direkt manipuliert werden kann. (vgl. [Ray92, S.5f])

8.3.3 Sprache von Tierra

Bevor man nun versucht synthetisches Leben zu erzeugen, muss man sich Gedanken über eine geeignete Programmiersprache machen. Sie muss robust sein. Das bedeutet, dass genetische Operationen wie Mutation und Rekombination lauffähige Programme erzeugen sollten. Zwei Eigenschaften der Sprache von Tierra wurden der Natur nachempfunden. Zuerst sollte die Anzahl der möglichen Anweisungen von der gleichen Größenordnung sein, wie der genetische Code. DNA wird durch 64 Codons kodiert, die in 20 Aminosäuren übersetzt werden. Die Sprache von Tierra besteht aus 32 Anweisungen, die durch 5 Bits repräsentiert werden. Ein Protein, das mit einem andern Protein interagiert, braucht nicht die exakten Koordinaten, stattdessen besitzt es eine Struktur auf der Oberfläche, die komplementär zu der Oberfläche des anderen Moleküls ist. Sie können dann interagieren, wenn sie durch Diffusion aufeinander treffen. In der Sprache von Tierra ist die Adressierungsart ähnlich. Es wird nicht die genaue numerische Adresse benötigt, um sie zu adressieren. Dies erklär ich anhand der Jump Anweisung (JMP). Nach jeder Jump Anweisung folgt eine Sequenz von no-operation Anweisungen. Von denen

gibt es zwei Arten: NOP_0 und NOP_1. Nehmen wir an, dass wir fünf Anweisungen haben: JMP, NOP_0, NOP_0, NOP_0, NOP_1. Das System sucht jetzt links und rechts der Jump Anweisung nach dem komplementären Muster NOP_1, NOP_1, NOP_1, NOP_0. Wenn es dieses Muster findet, wird der Zeiger (instruction pointer) auf das Ende des Musters gesetzt. Wenn es das Muster nicht findet, wird die Flag für den Fehlerstatus gesetzt und die Jump-Anweisung ignoriert. In der Praxis ist eine Grenze für das Suchen nach dem komplementären Muster vorgegeben. Ansonsten besteht die Sprache aus Funktionen, die typisch für Maschinensprachen sind. Zum Beispiel Move, Call, Return, Pop und Push. (vgl. [Ray92, S.7f])

8.3.4 Das Betriebssystem

Das Betriebssystem von Tierra besteht aus Slicer, Reaper, Memory Allocation, genetischen Operationen und Störungen.

Der Slicer

Das Betriebssystem sollte Multitasking oder Parallel sein, damit alle Lebewesen gleichzeitig leben. Das System enthält eine geschlossene Queue von Prozessen bzw. Lebewesen. Diese Queue wird Slicer Queue genannt. Der Slicer verteilt die echte CPU Zeit an die Lebewesen. Sobald ein neues Lebewesen geboren wird, kommt es direkt vor der Mutter in die Slicer Queue. Somit ist das Neugeborene das letzte Lebewesen, das wieder Zeit bekommt. (vgl. [Ray92, S.9])

Der Reaper

Um zu verhindern, dass die selbstreplizierenden Lebewesen den Speicher füllen muss die Sterblichkeit miteinbezogen werden. Das Betriebssystem besitzt einen Reaper, der Lebewesen umbringt, wenn der Speicher ein bestimmtes Niveau erreicht hat. Der Reaper ist im Grunde eine lineare Queue. Bei der Geburt eines Lebewesens wird es am Ende der Queue eingetragen. Wenn der Speicher zu voll ist, wird das Lebewesen am Anfang der Queue getötet. Die Lebewesen werden getötet, indem ihr Speicher freigegeben wird und sie aus der Reaper und Slicer Queue entfernt werden. Der tote Code wird aber nicht aus dem Speicher entfernt. Lebewesen können in der Reaper Queue auch vor oder zurück rutschen. Dies ist abhängig davon, ob sie Erfolg haben beim Ausführen bestimmter Anweisung. Aber im Grunde ist die Wahrscheinlichkeit des Todes vom Alter abhängig. (vgl. [Ray92, S.9f])

Memory Allocation

Der virtuelle Computer Tierra arbeitet auf einem RAM-Block des realen Computer. Dieser Speicher wird als „soup“ bezeichnet. Lebewesen bekommen bei der Geburt einen Block des Speichers. Zellen besitzen immer eine Zellmembran, die sie von der Umwelt abgrenzt. Digitale Organismen benötigen eine Entsprechung dieser Zellmembran. Die Lebewesen in Tierra besitzen eine Art semipermeable Membran. Ein Lebewesen hat das exklusive Schreibrecht auf dem ihm zugeteilten Speicherblock. Die Zugriffsrechte stellen die Membran da. Sie wird als semipermeabel bezeichnet, weil das Schreibrecht zwar geschützt ist, aber nicht das Lese- und Ausführrecht. Jedes Lebewesen kann höchstens in zwei Speicherblöcken Schreibrechte haben. In dem ersten Block wurde es geboren. Dieser wird als „Mutterzelle“ bezeichnet. Den zweiten Block bekommt das Lebewesen durch die memory allocation (MAL) Anweisung. Dieser zweite Block wird als „Tochterzelle“ bezeichnet und kann zum wachsen oder zur Reproduktion genutzt werden. (vgl. [Ray92, S.8f])

Genetische Operationen

In Tierra sind drei Arten von genetischen Operationen implementiert: Mutation, Gene Splicing und Flaws. Veränderungen des Genoms können während der Geburt und innerhalb der Lebenszeit des Lebewesens auftreten. (vgl. [Ray92, S.10f])

Es gibt in Tierra zwei Arten von Mutationen. Einmal werden Bits mit einer vorgegebenen Rate zufällig aus dem Speicher ausgewählt und invertiert. Dies entspricht einer Mutation durch kosmische Strahlen. Es hindert Lebewesen daran, unsterblich zu sein. Sie werden sozusagen zu Tode mutiert. Zusätzlich gibt es Reproduktionsfehler. Beim Kopieren des Genoms werden auch Bits invertiert.

Es sind drei Klassen von Gene Splicing in Tierra implementiert. Bei Crossover wird ein Teil des Genoms durch einen Genomteil eines anderen Lebewesens ersetzt. Durch Insertion wird ein Genomteil eines anderen Lebewesens hinzugefügt ohne einen Teil des eigenen Genoms zu verlieren. Deletion entfernt ein Teil des Genoms.

Flaws sind Fehler in den Operationen der Maschineninstruktionen. Die meisten der 32 Anweisung sind leicht defekt. Das bedeutet, dass manchmal das Ergebnis um plus oder minus Eins schwankt. Beispielsweise addiert die Inkrementierung normalerweise Eins dazu. Manchmal wird aber Zwei oder Null addiert.

Störungen

In Tierra gibt es Störungen der Population. Das Betriebssystem tötet in Intervallen eine gewisse Anzahl von Lebewesen. Die Intervalllänge kann vom Benutzer eingestellt werden. Diese Störungen sollen Katastrophen darstellen.

8.4 Simulation

Bisher wurde der Aufbau von Tierra diskutiert, im weiteren wird sich mit der Anwendung des Programmes und denen sich daraus ergebenden Ergebnissen befassen.

Die Simulationen wurden mit einer *Suppen* - Grösse von 60.000 Instruktionen gestartet. Damit die Evolution überhaupt beginnen kann, benötigt man mindestens ein Lebewesen. Man startet mit genau einem Lebewesen - dem sogenannten *ancestor*. Dieses Ursprungslebewesen besteht aus 80 Instruktionen und besitzt außer der Selbstreplikation keine weitere Fähigkeiten. Die Instruktionen des Lebewesens lassen sich in drei Abschnitte aufteilen. Im ersten Teil sucht das Lebewesen seine Start- und Endadresse, um daraus die Grösse zu bestimmen (durch Subtraktion der Werte).

Das Finden funktioniert über sogenannte *no-operation templates*, die in der Regel vier Bits lang sind. Der Beginn und das Ende des Ursprungslebewesens besteht aus solch einem Template. Ersteres besitzt die Form 1 1 1 1, letzteres die Form 1 1 1 0. 1 entspricht der Anweisung NOP_1, 0 NOP_0.

Mit den Anweisungen ADBR NOP_0 NOP_0 NOP_0 NOP_0 kann man den Beginn eines Lebewesens finden. ADBR bedeutet, dass rückwärts von der gegenwärtigen Position gesucht werden soll. Gesucht werden die komplementären Anweisungen zu den NOP_0 - Anweisungen, die NOP_1 - Anweisungen. Genau vier Anweisungen vom letzten Typ sind ja der Kopf eines Lebewesens. Mit ADRF NOP_0 NOP_0 NOP_0 NOP_1 findet man das Ende des Lebewesens.

Der zweite Teil ist die Reproduktionsschleife. In dieser wird der dritte Teil, die Kopierschleife, aufgerufen. Diese Teile dienen zur Erzeugung von Tochterzellen. Letztere beginnt, analog zum gesamten Lebewesen, mit einem Template der Form 1 1 0 0. Dieses wird in der Reproduktionsschleife durch CALL NOP_0 NOP_0 NOP_1 NOP_1 aufgerufen.

Nach Ausführung des Kopierens wird durch die DIVIDE - Anweisung, die neue Tochterzelle in die Slicer- und die Reaper-Queue eingefügt. Weiterhin verliert die Vaterzelle die Schreibrechte am Speicherplatz der Tochterzelle, die ihrerseits noch einen eigenen instruction pointer erhält. Nach der erfolgreichen Erzeugung der ersten Tochterzelle, springt man nicht in den ersten Teil (Größenüberprüfung) zurück, sondern direkt zum Kopf der Reproduktionsschleife (JUMP 0010). (vgl. [Ray92, S.11f])

Im folgenden ist der komplette Assembler Quellcode des Ursprungslebewesens aufgeführt:

Quellcode des Ursprungslebewesens [Ray92, Appendix C]

```

nop_1 ; 01 0 beginning template
nop_1 ; 01 1 beginning template
nop_1 ; 01 2 beginning template
nop_1 ; 01 3 beginning template
zero ; 04 4 put zero in cx
orl ; 02 5 put 1 in first bit of cx
shl ; 03 6 shift left cx
shl ; 03 7 shift left cx, now cx = 4
; ax = bx =
; cx = template size dx =
mov_cd ; 18 8 move template size to dx
; ax = bx =
; cx = template size dx = template size
adrb ; 1c 9 get (backward) address of beginning template
nop_0 ; 00 10 compliment to beginning template
nop_0 ; 00 11 compliment to beginning template
nop_0 ; 00 12 compliment to beginning template
nop_0 ; 00 13 compliment to beginning template
; ax = start of mother + 4 bx =
; cx = template size dx = template size
sub_ac ; 07 14 subtract cx from ax
; ax = start of mother bx =
; cx = template size dx = template size
mov_ab ; 19 15 move start address to bx
; ax = start of mother bx = start of mother
; cx = template size dx = template size
adrf ; 1d 16 get (forward) address of end template
nop_0 ; 00 17 compliment to end template
nop_0 ; 00 18 compliment to end template
nop_0 ; 00 19 compliment to end template
nop_1 ; 01 20 compliment to end template
; ax = end of mother bx = start of mother
; cx = template size dx = template size
inc_a ; 08 21 to include dummy statement to separate creatures
sub_ab ; 06 22 subtract start address from end address to get size

```

```

; ax = end of mother bx = start of mother
; cx = size of mother dx = template size
nop_1 ; 01 23 reproduction loop template
43
nop_1 ; 01 24 reproduction loop template
nop_0 ; 00 25 reproduction loop template
nop_1 ; 01 26 reproduction loop template
mal ; 1e 27 allocate memory for daughter cell, address to ax
; ax = start of daughter bx = start of mother
; cx = size of mother dx = template size
call ; 16 28 call template below (copy procedure)
nop_0 ; 00 29 copy procedure compliment
nop_0 ; 00 30 copy procedure compliment
nop_1 ; 01 31 copy procedure compliment
nop_1 ; 01 32 copy procedure compliment
divide ; 1f 33 create independent daughter cell
jmp ; 14 34 jump to template below (reproduction loop, above)
nop_0 ; 00 35 reproduction loop compliment
nop_0 ; 00 36 reproduction loop compliment
nop_1 ; 01 37 reproduction loop compliment
nop_0 ; 00 38 reproduction loop compliment
if_cz ; 05 39 this is a dummy instruction to separate templates
; begin copy procedure
nop_1 ; 01 40 copy procedure template
nop_1 ; 01 41 copy procedure template
nop_0 ; 00 42 copy procedure template
nop_0 ; 00 43 copy procedure template
push_ax ; 0c 44 push ax onto stack
push_bx ; 0d 45 push bx onto stack
push_cx ; 0e 46 push cx onto stack
nop_1 ; 01 47 copy loop template
nop_0 ; 00 48 copy loop template
nop_1 ; 01 49 copy loop template
nop_0 ; 00 50 copy loop template
mov_iab ; 1a 51 move contents of [bx] to [ax]
dec_c ; 0a 52 decrement cx
if_cz ; 05 53 if cx == 0 perform next instruction, otherwise skip it
jmp ; 14 54 jump to template below (copy procedure exit)
nop_0 ; 00 55 copy procedure exit compliment
nop_1 ; 01 56 copy procedure exit compliment
nop_0 ; 00 57 copy procedure exit compliment
nop_0 ; 00 58 copy procedure exit compliment
inc_a ; 08 59 increment ax
inc_b ; 09 60 increment bx
jmp ; 14 61 jump to template below (copy loop)
nop_0 ; 00 62 copy loop compliment
nop_1 ; 01 63 copy loop compliment
nop_0 ; 00 64 copy loop compliment

```



```

nop_1 ; 01 65 copy loop compliment
if_cz ; 05 66 this is a dummy instruction, to separate templates
44
nop_1 ; 01 67 copy procedure exit template
nop_0 ; 00 68 copy procedure exit template
nop_1 ; 01 69 copy procedure exit template
nop_1 ; 01 70 copy procedure exit template
pop_cx ; 12 71 pop cx off stack
pop_bx ; 11 72 pop bx off stack
pop_ax ; 10 73 pop ax off stack
ret ; 17 74 return from copy procedure
nop_1 ; 01 75 end template
nop_1 ; 01 76 end template
nop_1 ; 01 77 end template
nop_0 ; 00 78 end template
if_cz ; 05 79 dummy statement to separate creatures

```

Um die einzelnen Typen von Lebewesen später unterscheiden zu können, bekommt jede Art einen Genotyp. Das Ursprungslebewesen erhält den Code 0080aaa. Die Zahl zu Beginn kennzeichnet die Anzahl der Instruktionen, die Buchstabenkombination die Variante bei dieser Instruktionsanzahl. Die zweite Variante würde den Code 0080aab erhalten usw. (vgl. [Ray92, S.11]).

8.5 Resultate

Mit den im letzten Kapitel angegebenen Startbedingungen wurden die Simulationen gestartet. Durch Mutationen entstehen Lebewesen mit veränderten Instruktionen und Grössen. In den folgenden Abschnitten werden die Ergebnisse der Simulationen in einzelnen dargestellt.

8.5.1 Co - Evolution

Durch Mutationen entstehen neue Lebewesen mit anderen Instruktionen bzw. Grössen. Wie dieses im einzelnen geschieht, wird gleich konkret an einem Beispiel gezeigt. Vorweg sollte noch auf die Rolle der einzelnen Lebewesen innerhalb der Population eingegangen werden.

Mit zunehmender Anzahl der Lebewesen treten die einzelnen Individuen untereinander in Interaktion. Was sich entwickelt, ist eine Co - Evolution. Neben dem *ancestor* sind Parasiten, Hyper-Parasiten, soziale Hyper-Parasiten und Hyper-Hyper-Parasiten entstanden.(vgl. [Ray92, S.12ff]) Wie sich diese Typen im einzelnen verhalten, wird gleich gezeigt. Zunächst kommt jedoch die versprochene Entstehung von anderen (kleineren) Lebewesen am Beispiel der Entstehung eines Parasiten.

Ausgangspunkt ist das Ursprungslebewesen 0080aaa. Wie bereits erwähnt, entstehen veränderte Lebewesen durch Mutationen, die während der Geburt, beim Kopieren von Daten oder zufällig auftreten können. Tritt nun im *no-operation template* der Kopierschleife, welches die Form 1 1 0 0 hat, an dritter Stelle (an 42. Position im gesamten Lebewesen) eine Mutation auf, wird aus der 0 eine 1 und somit insgesamt 1 1 1 0. Dieses entspricht jedoch genau dem Template, das sich am Ende des Lebewesens befindet.

Wird ein Lebewesen mit dieser Mutation geboren, berechnet es seine Grösse als 45 und kopiert somit auch nur 45 Instruktionen. Das Lebewesen 0045aaa ist entstanden, welches keine Kopierschleife besitzt.

Warum ist dieses Lebewesen ein Parasit? Offensichtlich kann das Lebewesen isoliert nicht überleben, da es ja keine Kopierprozedur besitzt. Im Abschnitt 8.3.4 über die Speicherallokation auf Seite 108 wurde bereits angesprochen, dass andere Speicherplätze zwar schreibgeschützt sind, die Instruktionen aber lesbar und vor allem ausführbar sind. Ist nun ein 0080aaa innerhalb des Suchlimits (200 - 400 Instruktionen) der CALL - Anweisung, welche die Kopierprozedur aufruft, werden die Kopieranweisungen dieses Lebewesens aufgerufen. (vgl. [Ray92, S.13]) Damit ist eine parasitäre Verbindung entstanden, die im Verlauf der Simulation einen Lotka - Volterra - Zyklus einnimmt. (vgl. [Ray92, S.17]) Zunächst sind viele Wirte (0080aaa) da, so dass sich viele Parasiten entwickeln können und die Wirte seltener werden, wodurch die Parasitenpopulation schrumpft, was dann wiederum ein Zuwachs der Wirtpopulation zu Folge hat und alles geht von vorne los.

In einigen Simulationen hat sich allerdings auch eine Immunität gegenüber den Parasiten entwickelt. Eines dieser resistenten Lebewesen ist 0079aab. Werden Parasiten mit diesen Lebewesen zusammengesetzt, sterben sie relativ schnell aus. Aber auch diese Immunität wurde von Parasiten wieder umgangen, z.B. von 0051aa0. (vgl. [Ray92, S.13f]) An dieser Stelle zeigt sich die Co-Evolution in ihrer reinsten Form.

Am Beginn dieses Abschnittes wurden neben den Parasiten noch die Hyper-Parasiten genannt. 0080gai ist einer dieser Hyper-Parasiten. Im wesentlichen gibt es zwei Unterschiede zum Parasiten. Zum einen besitzt die Kopierprozedur keine RETURN - Anweisung, was dazu führt, dass dem Parasiten der instruction pointer entrissen wird. Zum anderen wird nach jeder Reproduktion die Position und Grösse neu berechnet. Nachdem ein *normaler* Parasit die Instruktionen ausgeführt hat, enthält die CPU des Parasiten die Position und die Grösse des Hyper-Parasiten. Damit reproduziert der Parasit ab sofort den Hyper-Parasiten. Dadurch sterben die Parasiten auf Dauer aus. (vgl. [Ray92, S.14])

Soziale Hyper-Parasiten stellen eine besondere Form der Hyper-Parasiten dar. 0061acg ist einer dieser sozialen Hyper-Parasiten. Dieses Lebewesen ist in dem Sinne sozial, dass es sich nur reproduzieren kann, wenn es in einer Gemeinschaft lebt. Beim Zurückspringen zur Selbstüberprüfung nach dem Kopieren, wird zu einem Template gesprungen, welches häufiger am Ende eines Lebewesens vorkommt, als am Anfang. Ist nun ein Individuum mit diesem Template in der Nähe, wird dessen Code ausgeführt. Benachbarte Lebewesen kooperieren also beim Fangen und Durchlaufen des instruction pointer.

Die soziale Hyper-Parasiten haben gegenüber den Ursprungslebewesen den Vorteil, dass die um 24% kleiner sind und sich somit schneller reproduzieren können. Die Verkleinerung haben sie durch eine Reduzierung ihrer Templates auf drei anstatt vier Anweisungen erreicht. (vgl. [Ray92, S.14])

Zum Abschluss wären da noch die Hyper-Hyper-Parasiten (z.B. 0027aab), die auch *Cheater* genannt werden, da sie sich zwischen aneinanderliegenden Hyper-Parasiten anlagern, so dass sie den instruction pointer fangen. (vgl. [Ray92, S.14])

8.5.2 Optimierung

In Laufe der Simulation findet eine Optimierung des Ursprungslebewesens durch Evolution statt. Diese lässt sich anhand einer Verkleinerung der Körpergrösse ablesen. Während zu Beginn das Lebewesen 80 Instruktionen umfasste, entwickelten sich im Laufe der Simulation Lebewesen mit nur 22 Instruktionen (0022abn), die fähig waren sich zu reproduzieren. In der Abbildung

auf Seite 114 lässt sich der Verlauf der Körpergrößen gegenüber der Zeit verfolgen

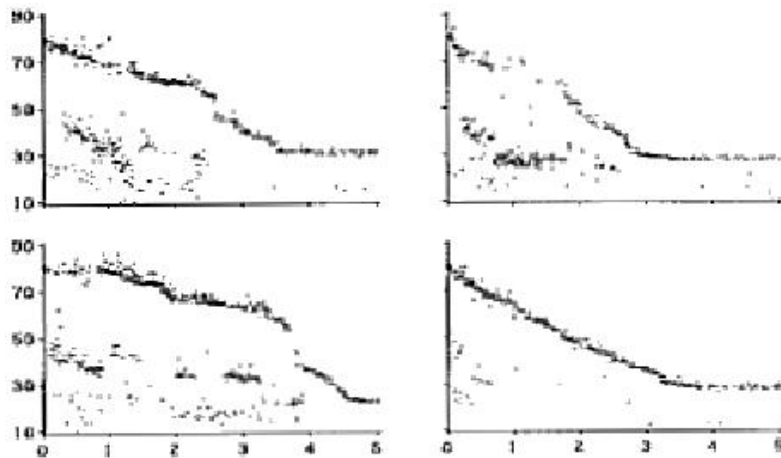


Abbildung 8.1: Grösse der Lebewesen in Tierra [Ray99, Folie 199]

Ein weiterer Trend ist die zunehmende Komplexität der Organismen. Dieses lässt sich in einem Vorgang feststellen, den man *unrolling the loop* nennt. Dabei wird während einer Kopierschleife nicht nur einmal, sondern bis zu dreimal kopiert, wie z.B. bei der Art 0072etq. Anstatt 10 Instruktionen pro Schleife werden 6 Instruktionen pro Kopie bzw. 18 Instruktionen pro Schleife ausgeführt. Im folgenden sind die Kopierschleifen von 0080aaa und 0072etq aufgeführt:

Kopierprozedur 0080aaa [Ray92, AppendixE]

```
nop_1 ; copy loop template
nop_0 ; copy loop template
nop_1 ; copy loop template
nop_0 ; copy loop template
mov_iab ; copy from [bx] to [ax]
dec_c ; decrement cx
if_cz ; if cx != 0 skip next instruction
jmp ; jump to template below (exit)
nop_0 ; copy procedure exit compliment
nop_1 ; copy procedure exit compliment
nop_0 ; copy procedure exit compliment
nop_0 ; copy procedure exit compliment
inc_a ; increment ax (in daughter)
inc_b ; increment bx (in mother)
jmp ; jump to template below (copy loop)
nop_0 ; copy loop compliment
nop_1 ; copy loop compliment
nop_0 ; copy loop compliment
nop_1 ; copy loop compliment
```

Kopierprozedur 0072etq [Ray92, AppendixE]

```
shl ; shift left cx
```

```

mal ; allocate daughter cell
nop_0 ; top of loop
mov_iab ; copy instruction
dec_c ; decrement cx
dec_c ; decrement cx
jmpb ; junk
dec_c ; decrement cx
inc_a ; increment ax
inc_b ; increment bx
mov_iab ; copy instruction
dec_c ; decrement cx
inc_a ; increment ax
inc_b ; increment bx
mov_iab ; copy instruction
dec_c ; decrement cx
orl ; flip low order bit of cx
if_cz ; if cx != 0 skip next instruction
ret ; exit loop
inc_a ; increment ax
inc_b ; increment bx
jmpb ; go to top of loop
nop_1 ; bottom of loop

```

Die zum Kopieren wichtigen Anweisungen sind `mov_iab`, `dec_c`, `inc_a` und `inc_b`. Während bei der Kopierprozedur von 0080aaa die Anweisungen jeweils nur einmal vorkommen, tauchen sie in der zweiten Prozedur von 0072etq dreimal auf, `dec_c` sogar sechsmal, da durch `shl` doppelt so viel Speicherplatz allokiert wurde.

8.5.3 Instruktionen - Sensitivität

Der Grad der evolutionäre Entwicklung von Modellen hängt stark von der zugrundeliegenden genetischen Sprache ab. Daher ist es nicht verwunderlich, dass auch bei Tierra Tests zur Sprache - hier instruction set genannt - gemacht wurden. Neben der original in Tierra verwendeten Sprache wurden drei ähnliche instruction sets entwickelt und in Tierra integriert. Die Unterschiede zwischen den Sprachen waren nur minimal.

Doch es zeigten sich auffällig unterschiedliche Ergebnisse, obwohl die Sprachen nahezu identisch waren. Abweichend war vor allem der Grad der Optimierung. Folgende Tabelle bietet einen Überblick über die Ergebnisse: [Ray94b, S.8]

Set	Ancestor	R0	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	Avg.Opt.	Max.Opt.
I1	73	27	27	26	22					.35	0.30
I2	94	54	57	54	55	60	56	57	55	.60	0.57
I3	93	54	37	34	36	49	53	54	40	.48	0.37
I4	82	26	23	23	26	35	24	43	23	.34	0.28

Die Spalte *set* gibt das instruction set an. Set I1 ist das originale Set von Tierra. In der zweiten Spalte ist die Grösse des Ursprungslebewesens angegeben. Die Spalten R0 bis R7 geben die Grössen der kleinsten Lebewesen bei den Simulationläufen 0 bis 7 an. In *Avg. Opt.* ist die

durchschnittliche Optimierung angegeben, die durch die durchschnittliche kleinste Grösse geteilt durch die Ancestorgrösse berechnet wird. *Max. Opt.* gibt die maximale Optimierung an (kleinste Lebewesengrösse geteilt durch Ancestorgrösse).

Man kann erkennen, dass I1 und I4 die besten Optimierungsergebnisse liefern, während vor allem I2 weit weniger optimiert. Instruction set I1 erzeugt das kleinste lebensfähige Lebewesen, aufgrund der kleineren Ancestorgrösse hat jedoch I4 den besten durchschnittlichen und maximalen Optimierungswert mit 0.34 bzw. 0.28.

Genauere Aussagen lassen sich mit solchen Analysen nicht erreichen. Man kann jedoch feststellen, dass die evolutionäre Entwicklung sehr sensitiv gegenüber der zugrundeliegenden Sprache ist.

8.6 Anwendbarkeit

Stellt sich nun die Frage, ob man diese digitalen Lebewesen sinnvoll einsetzen kann. Thomas Ray meint ja. Die Ergebnisse haben gezeigt, dass die Lebewesen Programmcode auf drei Arten optimieren können. Zum einen wird der Code kompakter. Lebewesen mit 23 Instruktionen können auch überleben. Die Ursprungslebewesen waren 80 Instruktionen gross. Zum zweiten wird der Code effizienter, wie man bei *unrolling the loop* sehen konnte. Und zuletzt wird der Code paralleler. Hyper-Parasiten können mehrere Tochterzellen gleichzeitig erzeugen.

Daher könnte man sich vorstellen, Software per Evolution zu entwickeln. Die Evolution auf unserer Erde hat gezeigt, dass hochkomplexe Organismen entstehen, warum sollte das in der digitalen Form nicht auch so sein. Vor allem im letzten der eben angeführten Punkte - der höheren Parallelität - könnte ein Vorteil gegenüber dem üblichen Programmieren durch Menschen liegen. Für uns Menschen ist es sehr schwer parallele Software zu schreiben, ganz einfach aufgrund der hohen Komplexität. Die Evolution hingegen hat schon in Tierra gezeigt, dass sie solche komplexe Software, die die verfügbaren Ressourcen voll ausschöpft, produzieren kann.

Weiterhin könnte die Evolution hilfreich sein, eine neue *Killer-Software* zu erstellen, einer Software, die alle haben wollen. Da der derzeitige Softwaremarkt aber eher gesättigt ist mit Produkten, könnte das etwas völlig neues sein, an was wir Menschen noch gar nicht gedacht hatten. Aber das ist nur eine nette Theorie.

Wie soll die Entwicklung der Software genau von Statten gehen? Zunächst müssen wir der Evolution freie Hand lassen in der Entwicklung. Einwirken von uns Menschen würde eher hinderlich sein. Wenn man das mit der Evolution auf unserer Erde vergleicht erscheint das auch durchaus sinnvoll. Hätten wir Menschen die Evolution so beeinflussen können, dass sie ein Produkt, was uns nützlich ist, besonders schnell produziert? Eher nicht, wahrscheinlich wäre das Einwirken sogar hinderlich.

Stattdessen muss die Evolution zunächst frei Hand haben. Wenn sie dann eine Eigenschaft entwickelt hat, die uns von Nutzen ist, können wir eingreifen und zwar durch Domestizierung. Genau wie wir es bei Reis, Weizen oder Baumwolle gemacht haben, könnten auch die digitalen Lebewesen gezüchtet werden, um spezielle Aufgaben besser ausführen zu können (vgl. [Ray96]).

8.7 Erweiterungen

Neben dem Erkenntnisgewinn von der Evolution, ist die Entwicklung neuer Software eine weitere Motivation von Tierra. Ziel war es im weiteren eine grössere Komplexität der Organismen zu erreichen. Ein Blick in die Geschichte zeigt uns wieder eine Lösung für dieses Problem an.

Im Erdaltertum wurde die Komplexitätssteigerung im wesentlichen durch die sogenannte *kambriische Explosion* erreicht, dem Schritt von Einzellern zu Mehrzellern. (vgl. [Ray94c, S.1]) In Tierra waren zu diesem Zeitpunkt auch alle Lebewesen Einzeller. Daher entwickelte Thomas Ray eine Erweiterung, die es den Lebewesen ermöglichte sich zu Mehrzellern zu entwickeln. Dabei basierte die Implementierung auf drei wesentlichen Annahmen: alle Lebewesen werden als Einzeller geboren und können sich im Leben zu Mehrzellern entwickeln, jede Zelle enthält das selbe genetische Material und als drittes hat jede Zelle das Potenzial zur Differenzierung (vgl. [Ray94c, S.1]).

Die Entstehung komplexer mehrzellige digitaler Lebewesen wirft schnell das Problem auf, dass nicht genügend Platz vorhanden ist. Daher kam Thomas Ray auf die Idee eine Netzwerk - Version von Tierra zu entwickeln. Im weltweiten Netzwerk sollte ein Schutzgebiet biologischer Diversität für digitale Organismen entstehen, welches einen weitaus grösseren Raum und eine grössere Komplexität an zeitlichen und räumlichen Ressourcen zur Verfügung stellt. Das Programm soll wie eine Art Bildschirmschoner als Prozess mit niedriger Priorität laufen und nur dann aktiv werden, wenn Rechenzeit zur Verfügung steht. Dadurch könnten sich Wanderzyklen der digitalen Lebewesen über die ganze Welt entstehen, immer zur dunklen Seite hin, wo in der Regel mehr Rechenzeit zur Verfügung stehen sollte, da die meisten Menschen dann schlafen. (vgl. [Ray96])

Bei Tests der Netzwerksversion stellten sich aber einige Probleme ein, die bis heute noch nicht gelöst zu sein scheinen. In der ersten Version kam es zu erheblichen Bandbreitenproblemen zwischen den einzelnen Rechnern. In einem LAN (Local Area Network) zeigten sich aber interessante Ergebnisse. Die Bandbreitenprobleme wurden mit einer Einteilung der Rechner in Cluster behoben, allerdings kamen dann keine interessanten Ergebnisse mehr zu Stande. (vgl. [Ray01, S.6])

Wenn dieses Problem gelöst sein sollte, könnte Network Tierra fähig sein neue komplexere digitale Lebensformen zu erschaffen.(vgl. [Ray01, S.10]) Man wird sehen.

Literaturverzeichnis

- [Ray92] Ray, T. S. 1992. Evolution, ecology and optimization of digital organisms. Santa Fe Institute working paper 92-08-042.
- [Ray94a] Ray, T. S. 1994. An evolutionary approach to synthetic biology: Zen and the art of creating life. *Artificial Life* 1(1/2): 195-226. Reprinted In : Langton, C. G. [ed.], *Artificial Life, an overview*. The MIT Press, 1995.
- [Ray94b] Ray, T. S. 1994. Evolution, complexity, entropy, and artificial reality. *Physica D* 75: 239-263.
- [Ray94c] Thearling, Kurt, and Ray, T. S. 1994. Evolving multi-cellular artificial life. Brooks, Rodney A., and Pattie Maes [eds.], *Artificial Life IV conference proceedings*, Pp. 283-288. The MIT Press, Cambridge.
- [Ray95] Ray, T. S. 1995. A proposal to create a network-wide biodiversity reserve for digital organisms. ATR Technical Report TR-H-133.
- [Ray96] Ray, T. S. 1996. Netlife - das Schaffen eines Dschungels im Internet. Stefan Iglhaut, Armin Medosch, Florian Rotzer (eds.), *Stadt am Netz, Ansichten von Telepolis*. Pp. 118-126. Berlin: Bollmann.
- [Ray99] Ray, T. S., and Hart, Joseph. 1999. Tierra Tutorial. 1999 Genetic and Evolutionary Computation Conference Tutorial Program, 367-394. Morgan Kaufmann, San Francisco. Presented at GECCO (Genetic and Evolutionary Computation Conference), Orlando, Florida, July 13-17, 1999.
- [Ray01] Ray, T. S. 2001. Overview of Tierra at ATR. In: "Technical Information, No.15, Technologies for Software Evolutionary Systems". ATR-HIP. Kyoto, Japan.

Beiträge des Instituts für Umweltsystemforschung der Universität Osnabrück

- Nr. 1: Eberhard Umbach: Umweltverträgliches Wirtschaftssystem in den Bereichen Abfall und Emissionen. März 1997.
- Nr. 2: Stefan Trapp, Bernhard Reiter, Michael Matthies: Überprüfung und Fortentwicklung der Bodenwerte für den Boden-Pflanze-Pfad - Teilprojekt Transferfaktoren Boden-Pflanze. August 1997.
- Nr. 3: Michael Matthies (Hrsg.): Stoffstromanalyse und Bewertung. September 1997.
- Nr. 4: Dirk Melcher: Quantifizierung, Klassifizierung und Modellierung der Phytotoxizität organischer Chemikalien. Oktober 1997.
- Nr. 5: Stefan Schwartz: Organische Schadstoffe in der Nahrungskette - Vorstudie zur Validierung von Expositionsmodellen. November 1997.
- Nr. 6: Volker Berding: Private Hausbrunnen - Vergleichende Bewertung von Maßnahmen zur Verbesserung der Trinkwasserqualität. Oktober 1997.
- Nr. 7: Horst Malchow (Hrsg.): Modellbildung und -anwendung in den Wissenschaften I. Januar 1998.
- Nr. 8: Birgit Radtke: Bifurkationen in einem Modell mariner Planktodynamik. Januar 1998.
- Nr. 9: Werner Berens: Konzeption eines Umweltinformationssystems für die Universität Osnabrück. Juni 1998.
- Nr. 10: Michael Matthies (Hrsg.): Studienprojekte 1998. September 1998.
- Nr. 11: Michael Matthies (Hrsg.): Globaler Wandel. September 1998.
- Nr. 12: Klaus Brauer (Hrsg.): Institutsbericht. September 1998.
- Nr. 13: Klaus Brauer, Horst Malchow, Michael Matthies, Eberhard Umbach (Hrsg.): Materialien des Arbeitstreffens Systemwissenschaft in der Lehre, Universität Osnabrück, 29./30.9.1998. Dezember 1998.
- Nr. 14: Horst Malchow (Hrsg.): Modellbildung und -anwendung in den Wissenschaften II. Dezember 1998.
- Nr. 15: Horst Malchow (Hrsg.): Modellbildung und -anwendung in den Wissenschaften III. August 1999.
- Nr. 16: Michael Matthies (Hrsg.): Regionale Nachhaltigkeit. September 2000.
- Nr. 17: Markus Klein: Langjähriger Wasserhaushalt von Gras- und Waldbeständen. Entwicklung, Kalibrierung und Anwendung des Modells LYFE am Groß-Lysimeter St. Arnold. Juni 2000.
- Nr. 18: Markus Brune: Multimediale Umweltmodellierung mit Fuzzy-Mengen. Juli 2000.

- Nr. 19: Michael Matthies (Hrsg.): Fraktale in Hydrologie und Biologie. Oktober 2000.
- Nr. 20: Stefan Fuest (Dissertation): Regionale Grundwassergefährdung durch Nitrat. Dezember 2000.
- Nr. 21: Carsten Schulze (Dissertation): Modelling and evaluation the aquatic fate of detergents. April 2001.
- Nr. 22: Horst Malchow (Hrsg.): Modellbildung und -anwendung in den Wissenschaften IV. April 2001.
- Nr. 23: Horst Malchow (Hrsg.): Modellbildung und -anwendung in den Wissenschaften V. August 2001 (download at <http://www.usf.uos.de/usf/beitraege/>).
- Nr. 24: Kai Lessmann (Diplomarbeit): Probabilistic Exposure Assessment. Parameter Uncertainties and their Effects on Model Output. November 2002.
- Nr. 25: Frank M. Hilker (Diplomarbeit): Parametrisierung von Metapopulationsmodellen. März 2003.
- Nr. 26: Nadja Rüger(Diplomarbeit): Habitat suitability for *Populus euphratica* in the Northern Amudarya delta - a fuzzy approach. Juni 2003.

Die Beiträge können gegen einen Selbstkostenpreis (ca. 10 – 20 DM pro Exemplar) beim Institut für Umweltsystemforschung, Universität Osnabrück, 49069 Osnabrück bestellt werden.