

BACHELORARBEIT

Neuroevolutionäre Algorithmen in RoboCup2D

Alexander Isenko

Entwurf vom 26. November 2016



BACHELORARBEIT

Neuroevolutionäre Algorithmen in RoboCup2D

Neuroevolutionary algorithms in RoboCup2D

Alexander Isenko

Aufgabensteller: Prof. Dr. Claudia Linnhoff-Popien

Betreuer: Thomas Gabor, M.Sc
Dr. Lenz Belzner

Abgabetermin: 9. Dezember 2016



Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Bachelorarbeit selbständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet habe.

München, den 9. Dezember 2016

.....
(Unterschrift des Kandidaten)

Abstract

Wir untersuchen in dieser Bachelorarbeit verschiedene Ansätze zur Entwicklung von **neuronalen Netzen** am Beispiel der **Cross Entropy Method**, **genetische Algorithmen** und **CoSyNE** unter Einschränkung von spärlichen Fitnesssignalen, hochdimensionalen kontinuierlichen Zustandsräumen und simulationsbasierter Optimierung.

Der Suchraum wird durch **diskrete Cosinustransformationen** unter der Annahme reduziert, dass benachbarte Gewichte in neuronalen Netzen zueinander korreliert sind. Die Domäne ist ein Fußballsimulator, **Half Field Offense**, die Teams aus dem weltweiten Wettbewerb RoboCup2D mitliefert an denen wir uns messen können.

Dafür entwickeln wir mehrere Angreifertaktiken im **1 gegen 1 Szenario** gegen den Torwart aus der Standardimplementierung. Die Umsetzung erfolgt in Haskell und Python.

We analyze different approaches for **neuroevolution**, by means of the **Cross Entropy Method**, **Genetic Algorithms** and **CoSyNE** with the restriction of sparse fitness signals, continuous state spaces and simulation-based optimization.

The state space will be reduced with the help of **discrete cosine transformations** under the assumption of correlated weights in neural nets. The domain is a soccer simulator, **Half Field Offense**, which includes teams from the worldwide competition RoboCup2D.

We develop different attacker policies for the **1 versus 1 scenario** with the goal keeper from the standard implementation. The realization happened with the Haskell and Python programming languages.

Inhaltsverzeichnis

1 Einführung	1
1.1 Aufgabenstellung	1
1.2 Motivation	2
1.3 Aufbau der Arbeit	2
2 Definitionen	3
2.1 Genetische Algorithmen	3
2.1.1 Individuen	4
2.1.2 Evaluation	5
2.1.3 Selektion	5
2.1.4 Kreuzung	5
2.1.5 Mutation	7
2.1.6 Repopulation	8
2.2 Neuroevolution	9
2.2.1 Künstliche neuronale Netze	9
2.2.2 Backpropagation	11
2.2.3 Verbindung mit genetischen Algorithmen	12
2.3 Diskrete Kosinus Transformation	13
2.3.1 Kodierung des Suchraums	13
2.4 Cooperative Synapsen Neuroevolution	14
2.4.1 Permutation	14
2.5 Cross Entropy Method	17
2.5.1 Normalverteilung	17
2.5.2 Kodierung durch Normalverteilungen	19
3 Umsetzung in RoboCup2D	21
3.1 Half Field Offense	22
3.1.1 Zustandsraum	23
3.1.2 Aktionsraum	24
3.1.3 Einschränkungen	24
3.2 Implementierung der Algorithmen	25
3.2.1 Wahrscheinlichkeitsverteilung von Aktionen	26
3.2.2 Cross Entropy mit DCT	28
3.2.3 Neuroevolution mit DCT	28
3.2.4 CoSyNE mit DCT	28
3.3 Resultate	29
3.3.1 1v1	29
3.3.2 Vergleich	34

Inhaltsverzeichnis

4 Diskussion	35
4.1 Anwendungsmöglichkeiten	35
4.2 Coevolutionärer Aspekt	35
4.3 Ausblick	35
4.3.1 Genetische Algorithmen	35
4.3.2 Aufbau des neuronalen Netzes	35
4.3.3 Cross Entropy	35
4.3.4 Aktionsraum	35
4.3.5 Multi-Agenten Systeme	35
4.4 Verwandte Felder	35
4.4.1 Implementierung für OpenAI Gym	36
4.4.2 Bestärkendes Lernen - Black Box RL	36
4.4.3 Convolutional neuronale Netze und CoSyNE	36
Literaturverzeichnis	37

1 Einführung

Die Relevanz von Machine Learning Algorithmen und **Deep Learning** [1] hat in den letzten Jahren seit der Weiterentwicklung von **GPUs** (Graphics Processing Unit) stark zugenommen. Das Training wird dabei durch die Optimierungsmethode **SGD** (Stochastic Gradient Descend) durchgeführt, die uns erlaubt durch das Ableiten einer multidimensionalen Funktion zu einer Lösung zu konvergieren. Damit wurden bemerkenswerte Maßstäbe in der Beschreibung von Bildern in **ImageNet** [2], dem Lernen einer Strategie für das Brettspiel **Go** [3] oder der Nachahmung der menschlichen Sprache durch **WaveNet** [4] gesetzt.

Leider sind dadurch andere Methoden zur Entwicklung von neuronalen Netzen aus dem Fokus gefallen, die zu der Familie von **unsupervised Learning** gehören. Sie können umfangreicher eingesetzt werden, weil sie weniger Einschränkungen für die Anwendungsdomäne haben. Sie benötigen keine vorher beschriftete Daten und unterstützen simulationbasiertes Training.

Insbesondere untersuchen wir den **CoSyNE** Algorithmus der verschiedene Techniken verknüpft um die Suche im Raum von neuronalen Netzen zu beschleunigen. Dabei zeigen wir einen bisher nicht gesehenen Vergleich mit dem **Neuroevolutionsalgorithmus** ohne den zusätzlichen Permutationsschritt. Hinzu kommt der **Kompressionsfaktor von 1:55** im Gewichtsraum für ein größeres rekurrenten Netz als im Ursprungspaper [5].

1.1 Aufgabenstellung

In dieser Arbeit beschäftigen wir uns mit der Entwicklung von neuronalen Netzen mithilfe von genetischen Algorithmen für die Fußballdomäne **Half Field Offense** [6]. Sie hat ein **spärliches Fitnesssignal**, ein hochdimensionalen kontinuierlichen Zustandsraum und keine Möglichkeit für jede Situation eine perfekte Aktion festzulegen. Damit bietet sie Parallelen zu echte-welt Problemen für die man entweder nicht genug Wissen sammeln konnte, oder wollte.

Wir untersuchen verschiedene Kodierungen und Implementierungen für den neuroevolutionäre Algorithmen und versuchen den Nutzen für andere Domänen mit ähnlichen Einschränkungen zu erahnen.

1.2 Motivation

Die Industrie interessiert sich für allgemeine Problemlösungen, die in kurzer Zeit, mit wenig Daten und am besten automatisch zu einem akzeptablen Ergebniss kommt. Leider steht das den üblichen **Deep Learning** Techniken gegenüber, die lange Trainingszeiten haben, viele nicht homogene Daten in normalisierter Form brauchen und von Hand angepasste Fitness Funktionen benötigen die für das Ziel optimiert wurden.

Deshalb betrachten verschiedene Möglichkeiten mithilfe eines GAs neuronalen Netzen zu entwickeln die als Fitnesssignal lediglich das Ziel bekommen und sich in einem hochdimensionalen, stetig verändernden, kontinuierlichen Zustandsraum mit mehreren Akteuren bewegen.

1.3 Aufbau der Arbeit

Im Rahmen dieser Arbeit werden im Kapitel 2 die Grundlagen von Genetischen Algorithmen und deren Verknüpfung zu neuronalen Netzen und der Cross Entropy Method erklärt und anschaulich dargestellt. Kapitel 3 beschäftigt sich mit der Domäne, Parametrisierung der Algorithmen und der jeweiligen Resultate. Das Kapitel 4 gibt einen Ausblick in weitere Verbesserungsmöglichkeiten, stellt Vergleiche zu bisherigen Resultaten von CoSyNE dar und behandelt verwandte Felder.

2 Definitionen

Dieses Kapitel bietet Einblick in die Grundlagen von **Genetischen Algorithmen** (Kap. 2.1) im Zusammenhang mit **neuronalen Netzen** (Kap 2.2.1) und der **Cross Entropy Method** (Kap. 2.5). Außerdem werden einige Verbesserungen zu den naiven Methoden besprochen, wie die Reduzierung des Suchraums durch **Fouriertransformationen** und die Einführung von einer **kooperativen Evolution** durch Hinzufügen von einer neuen Aktion zu dem Ablauf des genetischen Algorithmus.

2.1 Genetische Algorithmen

Ein genetischer Algorithmus, im folgenden als **GA** abgekürzt, ist ein Optimierungsverfahren, das von der natürlichen Selektion und Evolution inspiriert ist. Ein formaler Leitfaden findet sich im Fundamentalwerk zu Genetischen Algorithmen [7].

Stellen wir uns anschaulicher Weise eine Gruppe Gazellen und einen Geparden vor.

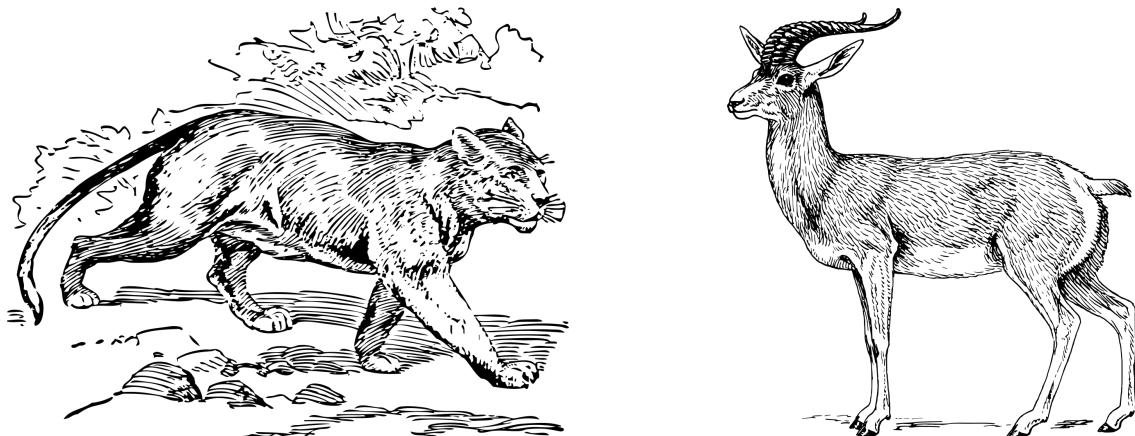


Abbildung 2.1: Illustration eines Geparden und einer Gazelle

Sei unser Gepard durch seine Geschwindigkeit den Gazellen überlegen, dann wird die Gazellenherde über Zeit in ihrer Anzahl sinken. Dabei werden die langsamen Gazellen dem Geparden erliegen und die Schnelleren überleben. Dieser Schritt wird als **Selektion** bezeichnet. Die Überlebenden werden sich fortpflanzen und mit hoher Wahrscheinlichkeit Gazellen-Babies bekommen die ähnlich schnell sind. Diesen Vorgang bezeichnen wir als **Kreuzung**. Mit welcher Wahrscheinlichkeit jedes einzelne Tier vor dem Geparden entwischen kann nennen wir **Fitness**.

Jede Gazelle, oder auch **Individuum** genannt, hat eine eigene Fitness, die es aber bei Geburt noch nicht weiß, da sie noch nie vor einem Geparden weglauen musste. Erst

2 Definitionen

nachdem sie einmal erfolgreich entwischt ist, können wir uns vorstellen, was ihre Fitness ist.

Ganz selten wird ein Gazellen-Baby geboren, das ein etwas längere Beine hat als alle anderen, dabei hatte keiner dieses Merkmal vor ihr. Das erlaubt ihr schneller zu laufen, was für sie erstmal positiv ist. Diese Ausprägung hat jedoch den Nachteil, dass die Standhaftigkeit darunter leidet. Diese unerwartete Veränderung bei den Kindern heißt **Mutation**.

Fassen wir zusammen: Nachdem jede überlebte Gazelle sich fortgepflanzt hat, bekommen wir hoffentlich wieder eine vollzähliges Herde, die wir **Population** nennen. Nach all diesen Schritten fängt der Kampf um das Überleben wieder an und geht solange, bis sich entweder Gazellen entwickeln, die dem Gepard ständig entkommen können, oder bis die gesamte Population ausstirbt.

Damit haben wir die wichtigsten Begrifflichkeiten von einem genetischen Algorithmus erklärt und kommen zur Umsetzung der einzelnen Schritte.

2.1.1 Individuen

Ein Individuum besteht aus einer Kodierung, auch **Zustandsraum** genannt, die die aussagekräftigen Eigenschaften von ihm ausmachen. Für eine Gazelle wäre beispielweise die folgende Kodierung möglich.

Höchstgeschwindigkeit	95 $\frac{km}{h}$
Beinlänge	86 cm
Gewicht	43 kg
Hornlänge	12 cm

Tabelle 2.1: Kodierung einer Gazelle

Die Aufgabe von unserem GA ist ein oder mehrere Individuen zu finden, die es schaffen vor dem Geparden wegzu laufen. Da wir aber nicht wissen, ob die vorgeschlagene Kodierung gut oder schlecht ist, müssen wir Gazellen mit zufälligen Eigenschaften erstellen und dann den Algorithmus arbeiten lassen.

Das schaffen wir, indem wir Grenzen für die Kodierung festlegen und später zufällige Werte in diesen Rahmen ausprobieren.

Eigenschaft	Minimaler Wert	Maximaler Wert
Höchstgeschwindigkeit	20 $\frac{km}{h}$	100 $\frac{km}{h}$
Beinlänge	40 cm	90 cm
Gewicht	12 kg	75 kg
Hornlänge	0 cm	35 cm

Tabelle 2.2: Grenzen für die Kodierung [8] [9]

2.1.2 Evaluation

Nachdem wir unsere Gazellenpopulation erstellt haben, müssen wir sie der Natur überlassen. Dann ist es unsere Aufgabe nach einer festen Zeitspanne und sie alle wieder aufzusammeln. Dadurch finden wir heraus wie viele Gazellen überlebt haben und können diese Information den nächsten genetischen Methoden übergeben.

2.1.3 Selektion

Nachdem die Evaluation vorbei ist, bekommen wir die Rückmeldung welche Gazellen überlebt haben. Aus dieser Menge können wir nun einen prozentualen Betrag wählen, die Eltern sein werden. In unserer Implementierung nennen wir diesen Parameter α . Damit versichern wir, dass nur die erfolgreichen Eigenschaften weiter in der Population erhalten bleiben und der Rest wegfällt.

2.1.4 Kreuzung

Die erfolgreichen Individuen wurden ausgewählt und können sich nun fortpflanzen. Dafür nehmen wir jeweils zwei Individuen und vertauschen zufällig ihre Ausprägungen.

Eigenschaften
56 $\frac{km}{h}$
42 cm
51 kg
10 cm

Tabelle 2.3: Kodierung des Vaters

Eigenschaften
62 $\frac{km}{h}$
55 cm
49 kg
8 cm

Tabelle 2.4: Kodierung der Mutter

Eigenschaften
56 $\frac{km}{h}$
55 cm
49 kg
10 cm

Tabelle 2.5: Kodierung vom Kind Nr.1

Eigenschaften
62 $\frac{km}{h}$
42 cm
51 kg
8 cm

Tabelle 2.6: Kodierung vom Kind Nr.2

Das können wir nun sooft machen wie wir Eltern finden, oder bis wir genug Kinder produziert haben.

2 Definitionen

In unserem Beispiel haben wir die Kinder mit dem folgenden Python-Code konstruiert:

```
1 vater = [56,42,51,10]
2 mutter = [62,55,49,8]
3 kind1 = []
4 kind2 = []
5 for i in range(kodierung.length):
6     r = random.uniform(0,1)
7     if (r > 0.5):
8         kind1[i] = vater[i]
9         kind2[i] = mutter[i]
10    else:
11        kind1[i] = mutter[i]
12        kind2[i] = vater[i]
```

In Z.1-2 definieren wir die Eigenschaften der Mutter und des Vaters. Dann iterieren wir durch die Länge der Kodierung (Z.5) und wählen mit einer 50% Wahrscheinlichkeit (Z.6-7) aus für jedes Kind aus, ob die gewählte Eigenschaft vom Vater oder von der Mutter kommt.

Diese Art und Weise zwei Individuen zu kreuzen nennt sich **n-point crossover**, weil wir die Kodierung an zufällig vielen Stellen unterbrechen. Es gibt noch andere Kreuzungsmethoden die eine eine feste Anzahl von Aufteilungen benutzen, wie **one-** oder **two-point crossover**.

Um einen Unterschied zwischen diesen Methoden zu erkennen, stellen wir uns vor dass die Beinlänge im Zusammenhang mit der Höchstgeschwindigkeit steht, weil längere Beine eine größere Sprungweite ermöglichen. Wenn nun ein Kind gezeugt wird, dass lange Beine vererbt, wird die Höchstgeschwindigkeit dadurch nicht automatisch angepasst. Deshalb wäre es besser, wenn diese Ausprägungen zusammen übernommen werden, weil dadurch eine höhere Fitness garantiert werden kann. Kreuzungsmethoden wie n-point-crossover verletzen diese Eigenschaft eher als wie one-point-crossover.

Je nach Implementierung verwendet man nur eins der beiden Kinder, weil das die Varianz der Gesamtpopulation weniger beeinflusst und trotzdem keinerlei Information verloren geht, weil die Eltern die Kodierung weiter tragen.

2.1.5 Mutation

Nachdem die Kinder erstellt wurden, müssen wir die Kodierung der Individuen etwas verändern, damit die Varianz in der Gesamtpopulation erhöht wird. Das machen wir indem wir durch die Kodierung der Kinder durchgehen und jede Ausprägung mit einer geringen Wahrscheinlichkeit verändern. Diese nennen wir β .

Eigenschaften
62 $\frac{km}{h}$
42 cm
51 kg
8 cm

Tabelle 2.7: Kodierung von einem Kind

Eigenschaften
62 $\frac{km}{h}$
42 cm
45 kg
8 cm

Tabelle 2.8: Mutierte Kodierung vom Kind

Die Mutation kann folgendermaßen in Python umgesetzt werden:

```

1 kinder = [k1, k2...]
2 beta   = 0.1
3 for i in range(kinder.length):
4     for j in range(kodierung.length):
5         r = random.uniform(0,1)
6         if (r > beta):
7             kinder[i][j] = sampleNewFrom(kodierung[j].range)

```

In Z.1-2 definieren wir Mutationswahrscheinlichkeit und die Kinder. Dann gehen wir jede Kodierung von jedem Kind durch (Z.3-4) und verändern die Eigenschaft mit einer 10% Wahrscheinlichkeit (Z.5-7).

Dieser Schritt ist wichtig, sodass trotz konvergierter Population neue Eigenschaften ausprobiert werden, da sie vielleicht eine bessere Lösung bieten. Der GA tendiert oft dazu sich erstmal für eine suboptimalen Lösung zu entscheiden und die Mutation erlaubt uns einen Ausweg daraus.

In manchen Fällen kann man die Mutation noch weiter parametrisieren, indem man ein Veränderungsfaktor als Argument hinzufügt. Diese Technik benutzt man, wenn die Kodierung nicht trivialerweise verändert werden kann, da sonst bestimmte Eigenschaften verloren gehen. In Kapitel 3 wird genau so ein Fall besprochen, weil wir unsere Individuen durch eine Wahrscheinlichkeitsverteilung darstellen.

2.1.6 Repopulation

Die Eltern wurden ausgewählt, die Kindern gezeugt und mutiert, nun müssen wir die Population in eine Form bringen, sodass die Evaluation neu gestartet werden kann. Wir stellen das Problem wieder an einem Beispiel dar.

```

1 population = [i1,i2,...]                                # population.length = 10
2 alpha        = 0.4
3 eltern       = selection(population, alpha) # eltern.length = 4
4 kinder       = crossover(eltern)           # kinder.length = 4
5 beta         = 0.1
6 mutkinder   = mutation(kinder, beta)      # mutkinder.length = 4
7
8 newpopulation = eltern + mutkinder          # newpopulation.length = 8

```

Wir sehen dass uns zwei Individuen weniger als zu Anfang haben können deshalb die Evaluation nicht neu starten. Dieses Problem kann man auf viele Weisen angehen, die ihre eigenen Vorteile und Nachteile haben.

Mehr Kinder erstellen

Es ist möglich während der Kreuzung solange Kinder zu erzeugen, bis die Population wieder ihre Ausgangsgröße angenommen hat. Ein Vorteil wäre, dass diese Individuen mit wahrscheinlich besseren Ausgangskodierungen starten als Neue. Der Nachteil ist jedoch die gesenkten Varianz in der Population und die erhöhte Wahrscheinlichkeit zum Feststeken in einem suboptimalen Lösungen.

Nicht selektierte Individuen nachfüllen

Man kann die nicht benutzen Individuen aus der vorherigen Population zum Auffüllen benutzen, was sich aber nur dann gewählt werden sollte, wenn die Chance bestünde, dass sie in der erneuten Simulation besser abschneiden als bisher. Ansonsten nehmen sie den Platz für ein potenziell besseres Individuum weg.

Neue Individuen erstellen

In unserer Implementierung haben wir uns für das Nachfüllen von völlig neuen Individuen entschieden, da dadurch die Varianz der Population angehoben wird und dadurch mehr Lösungen möglich sind. Ein Nachteil ist dabei sind die potenziellen Kinder die keinen Platz bekommen, aber da dadurch keine Information verloren geht, können wir es vernachlässigen.

2.2 Neuroevolution

Der Begriff der Neuroevolution wurde im Jahre 1988 von D. Whiteley [10] als alternative Möglichkeit zum Trainieren von künstlichen neuronalen Netzen (**KNNs**) vorgeschlagen. Dabei wird versucht aus der Synergie von dem **selbstlernenden Charakter** von KNNs und der **explorativen Suche** eines GAs eine Taktik oder ein Klassifikator zu entwickeln der völlig neue Lösungen finden kann. Den Beweis dafür hat man bereits im Jahr 1995 am Spiel *Othello* festgestellt. [11]

Wir versuchen in diesem Kapitel einen groben Überblick über die Funktionsweise von KNNs zu verschaffen und stellen den Bezug zu genetischen Algorithmen dar. Eine weitaus formalere Erklärung findet sich im Paper von

2.2.1 Künstliche neuronale Netze

Die Idee hinter künstlichen neuronalen Netzen ist der Versuch die Struktur vom menschlichen Gehirn nachzuahmen. Ein übliches KNN besteht jedoch aus vielfach weniger Neuronen, meist hundert bis mehrere tausend, wobei unser Gehirn 86 Milliarden[12] besitzt. Ein künstliches Neuron kann man sich anschaulich als eine Formel vorstellen, die **eine oder mehrere Eingaben** über **gewichtete Pfade** bekommt, sie **aufsummier**t und eine Aktivierungsfunktion auf das Ergebnis anwendet, die auf den Bereich $[0, \infty]$, $[0, 1]$, oder $[-1, 1]$ abbildet. Dieses Resultat nennen wir \hat{y} :

Sei n die Anzahl der Eingaben,
 $X = \{x_0, x_1, \dots, x_n\}$ die Eingabe,
 $W = \{w_0, w_1, \dots, w_n\}$ die jeweiligen Gewichte,
 $\sigma(x) = \max(x, 0)$ als Aktivierungsfunktion:

$$\hat{y} = \sigma(\sum_{i=0}^n x_i \cdot w_i)$$

Abbildung 2.2: Formel zur Berechnung des Ergebnisses eines Neurons

Wenn man nun mehrere von diesen Neuronen in Reihe zusammenschaltet (Abbildung 2.3), kriegt man ein vollständig vermaschtes Netz, welches grundsätzlich in drei Schichten unterteilt werden kann.

- **Eingabeschicht**

Hier kommt der Ausgangszustand rein, sei es ein kodierter Zustand eines Spiels, RGB Werte von einem Bild, oder der DAX.

- **Versteckte Schicht(en)**

Dieser Teil des Netzes besteht oft aus mehreren Schichten, da er für die Abstraktion und die Lernfähigkeit verantwortlich ist [13]. Er bekommt die Signale aus der Eingabeschicht, die er verarbeitet und weiterleitet.

- **Ausgabeschicht**

Die Ausgabeschicht ist zum Sammeln der Signale von der vorherigen Schicht zuständig und auf ihren Ergebnissen wird dann eine **Aktivierungsfunktion** angewendet, die die kumulierten Resultate in eine passende Form bringt. Sie varrieren

2 Definitionen

zwischen einfachen Ja/Nein Aussagen, oder wie wir später kennen lernen werden, auch Wahrscheinlichkeitsverteilungen.

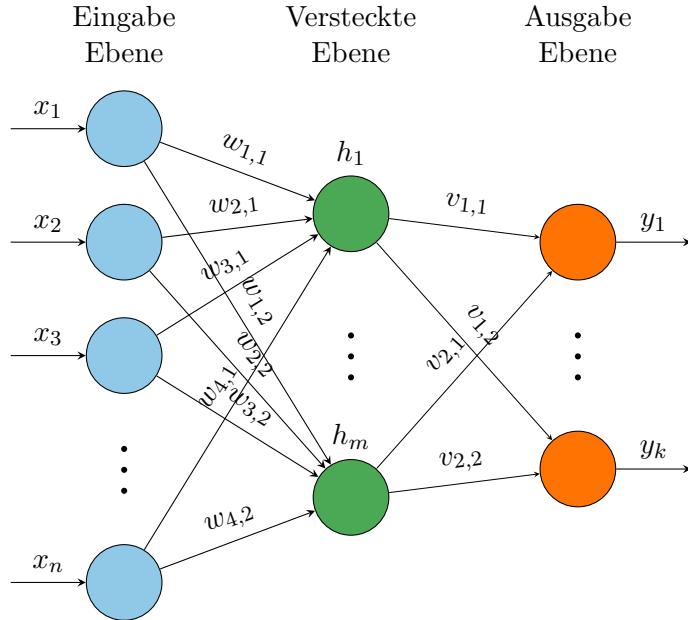


Abbildung 2.3: Skizze von einem vollständig vermaschten künstlichen neuronalem Netz

Neuronen wie in Abbildung 2.3 zusammen zu verknüpfen nennt sich ein **Feedforward** Netzwerk, da es keine Zyklen beinhaltet. Sie besitzen die Einschränkung das sie ohne Rücksicht auf die resultierenden Effekte in der Domäne ein Ergebnis liefern, da sie das Signal nur nach vorne weiterleiten.

Um eigene Resultate und zeitliche Abstraktionen einfacher zu berücksichtigen gibt es **rekurrente Netze** die direkte Zyklen beinhalten.

LSTM Ebene

Ein spezielles Neuron aus dem rekurrenten Netzen bestehen können, ist das **Long Short Term Memory** (LSTM) Neuron[14]. Es zeichnet sich durch die Eigenschaft aus, dass es über lange Zeitfenster Information behalten kann. Der Aufbau basiert auf dem Modell einer Speicherzelle, sodass wir durch verschiedene Eingänge (**Gates**), die Schreib-, Lese- und Reset-Aktionen nachbauen können [15]. Einer der wichtigsten Aspekte von diesen Neuronen ist jedoch, dass sie ableitbar sind, weil dadurch die Trainingsmethode **Backpropagation** aus Kapitel 2.2.2 ermöglicht wird [16].

Softmax Ebene

Es gibt eine Aktivierungsfunktion die wir besondere Aufmerksamkeit widmen, da sie die Neuronen der Ausgabeschicht zu einem nützlichen Ergebnis zusammenfassen kann. Die generalisierte logistische Funktion, oder auch **normalisierte Exponentialfunktion** nimmt als Argument einen k -dimensionalen Vektor \mathbf{z} von reellen Zahlen und gibt uns

widerrum den gleichen Vektor zurück, wo alle Werte auf den Bereich [0,1] normalisiert wurden.

Sei $j = 1, 2, \dots, K$:

$$\sigma(\mathbf{z})_j = \frac{e^{\mathbf{z}_j}}{\sum_{k=1}^K e^{\mathbf{z}_k}}$$

Abbildung 2.4: Definition der Softmax Funktion

Sei $t \in \mathbb{R}$:

$$S(t) = \frac{1}{1+e^{-t}}$$

Abbildung 2.5: Definition der Sigmoid Funktion

Wir könnten argumentieren, dass sich die einfache Normalisierung ohne die Exponentialfunktion dafür genauso dafür eignet. Wenn wir aber als Aktivierungsfunktion die **Sigmoid Funktion** (2.5) und als Kostenfunktion den **logistic-loss** oder **cross entropy loss** benutzt, kürzt sich das e beim partiellen Ableiten weg.

2.2.2 Backpropagation

Um diese Technik zum Trainieren von KNNs zu erklären müssen wir zunächst zeigen wie man den Fehler von einem neuronalen Netz misst. Dafür brauchen wir eine **Kostenfunktion** die uns die Abweichung zum Soll-Ergebnis gibt. Die Ergebnisse des Netzes für \hat{y} ist in Abbildung 2.2 definiert.

Sei m die Größe des Trainingssets,

$Y = \{y_0, y_1, \dots, y_m\}$ ein Vektor von Soll-Ergebnissen,

$\hat{Y} = \{\hat{y}_0, \hat{y}_1, \dots, \hat{y}_m\}$ ein Vektor von Resultaten des KNNs, dann ist:

$$\text{cost}(Y, \hat{Y}) = \frac{1}{m} \cdot \sum_{j=0}^m (y_j - \hat{y}_j)^2$$

die mittlere quadratische Abweichung.

Abbildung 2.6: Formel zur Berechnung des *MSE* Fehlers von einem KNN

Eine der möglichen Kostenfunktionen sieht man in Abbildung 2.6, die **mittlere quadratische Abweichung** (MSE). Je kleiner diese Kostenfunktion ist, umso besser kann unser KNN die Ergebnisse nachahmen. Um die Kosten zu minimieren, müssen wir die gesamte Funktion samt der Berechnung vom \hat{y} partiell nach den Gewichten ableiten.

Mit dem resultierenden Gradienten verändern wir die Gewichte, sodass der Fehler möglichst verringert wird. Dafür leiten wir die Anpassungsformel für jedes Gewicht her:

2 Definitionen

Pro Beobachtung j in Y ,
pro Gewicht i in W leiten wir partiell nach w_i ab:

$$\begin{aligned}\frac{\partial \text{cost}(y_j, \hat{y}_j)}{\partial w_i} &= \frac{\partial}{\partial w_i} (y_j - \hat{y}_j)^2 \\ &= \frac{\partial}{\partial w_i} (y_j - \max(\sum_{i=0}^n x_i \cdot w_i, 0))^2 \\ &= -2 \cdot \frac{\partial}{\partial w_i} \max(\sum_{i=0}^n x_i \cdot w_i, 0) \\ &= \begin{cases} 0 & \sum_{i=0}^n x_i \cdot w_i < 0 \\ -2 \cdot x_i & \sum_{i=0}^n x_i \cdot w_i > 0 \end{cases}\end{aligned}$$

Damit bekommen wir für Anpassungsregel für jedes Gewicht:

$$w_i \leftarrow w_i + \begin{cases} 0 & \sum_{i=0}^n x_i \cdot w_i < 0 \\ -2 \cdot x_i & \sum_{i=0}^n x_i \cdot w_i > 0 \end{cases}$$

Abbildung 2.7: Berechnung der Anpassungsregel für jedes Gewicht nach MSE

Diese Technik kann man benutzen, solange das gesamte Netz als Formel dargestellt ableitbar ist, selbst wenn es mehrere versteckte Schichten hat. Leider braucht sie dafür ein Trainingsset von Daten, was in oft aufwendig zu generieren ist. Deshalb benutzen wir eine simulationsbasierte Lernmethode.

2.2.3 Verbindung mit genetischen Algorithmen

Wenn wir nun zum Trainieren von ANNs genetische Algorithmen benutzen wollen, müssen wir das Netz als Liste von Gewichten kodieren, aus denen es besteht. Ein Beispiel dafür bietet der **GENITOR**[17] Algorithmus. Dabei werden die einzelnen Gewichte der Kreuzung und einer speziellen Mutation ausgesetzt die von der Varianz der Gesamtpopulation abhängt.

Ein weiterer Ansatz ist **SANE**[17], der einzelne Neuronen für die *Hidden Ebene* entwickelt und daraus ein Netz generiert.

Leider benutzen neuronale Netze heutzutage je nach Anwendungsgebiet immer aufwendigere Strukturen die extrem viele Gewichte besitzen. Eine naive genetische Suche in so einem hochdimensionalen Zustandsraum dauert zu lange und deshalb untersuchen wir Techniken die uns erlauben zielsicherer und effizienter den Raum aller Möglichkeiten zu durchsuchen.

2.3 Diskrete Kosinus Transformation

Eine Technik zum reduzieren des Suchraums bietet die diskreten Kosinustransformation (**DCT**), die zur Familie der Fouriertransformationen gehört. Eine **Fouriertransformation** teilt ein Signal in beliebig viele trigonometrische Funktionen, wie Sinus oder Kosinus auf, und über die Summe dieser Funktionen kann jedes Signal beschrieben werden.

Diese Fouriertransformation liefert uns ein diskretes Frequenzspektrum, das in Form von Koeffizienten dargestellt wird. Dabei wird pro Datenpunkt ein Koeffizient erzeugt. Um die Daten wiederherzustellen gibt es die inverse Kosinustransformation die die Koeffizienten wieder umwandelt.



Abbildung 2.8: Unkomprimiert



Abbildung 2.9: Komprimiert (1:5)

Wenn wir viele der Koeffizienten nicht benutzen und trotzdem versuchen die Datenpunkte wiederherzustellen, kriegen wir lediglich eine Annäherung, wie man in Abbildung 2.9 sieht. Sie ist meistens aber so gut genug, sodass wir keinen Unterschied merken. Eine sehr ähnliche Kompressionsmethode wird bei dem Bildformat JPEG oder dem Videoformat MPEG benutzt.

2.3.1 Kodierung des Suchraums

Diese Technik wenden wir nun auf die Gewichte von unserem neuronalen Netz an. Dafür beschränken wir den Suchraum auf eine kleine Anzahl der Koeffizienten und benutzen die inverse Kosinustransformation, um aus ihnen die nötige Anzahl von Gewichten zu erstellen. In Abbildung 2.10 und 2.11 sieht man eine Anwendung auf 100 Gewichte, die ein Kompressionsverhältnis von 1:2 haben. Das bedeutet, dass wir den Suchraum mit dem in 2.11 sichtbaren Genauigkeitsverlust halbiert haben.

Bei größeren Verhältnissen bemerken wir eine starke örtliche Korrelation (??) zwischen den benachbarten Zahlen und diese Eigenschaft passt zu der Annahme dass sich Gewichte in neuronalen Netzen ähnlich verhalten. Eine ausführlichere Erklärung findet sich im Ursprungspaper für die Anwendung in der Neuroevolution.[5]

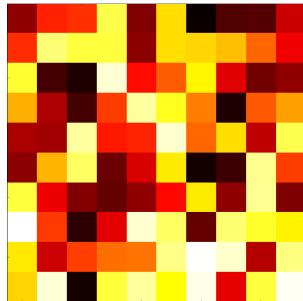


Abbildung 2.10: Unkomprimiert

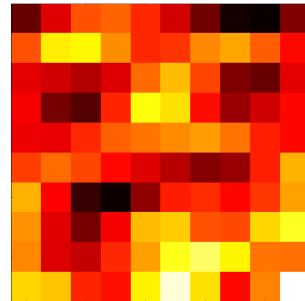


Abbildung 2.11: Komprimiert (1:2)

2.4 Cooperative Synapsen Neuroevolution

Nachdem wir den Zustandsraum komprimiert haben, sodass ein genetischer Algorithmus ihn in absehbarer Zeit entwickeln und ein neuronales Netz befüllt werden kann, erschließt sich die Verküpfung zu einem mächtigen Werkzeug das viele interessante Eigenschaften besitzt. Dieser Algorithmus wird **Cooperative Synapsen Neuroevolution**[18], oder auch **CoSyNE** genannt.

Er zeichnet sich speziell dadurch aus, dass er auf kontinuierlichen Zuständen und Aktionen funktioniert und spärliche Fitnesssignale interpretieren kann. Das schafft er indem er rekurrente Netze aufbaut und die genetische Suche mit aggressiver Mutation im Zustandsraum beschleunigt. Ein gutes Beispiel dafür ist das Rennspiel **TORCS**[19], wo der Algorithmus 993 Gewichte in 33 Koeffizienten kodiert (*Faktor 1:30*) und lediglich durch die Bilddaten ähnlich gute Ergebnisse liefert wie die per Hand programmierten Agenten, die die Physik des Spieles kennen.

Ein großer Nachteil von genetischen Algorithmen ist, dass sie oft bei lokalen Maxima feststecken bleiben und lange brauchen um aus diesem Tal rauskommen. Um dieses Problem anzugehen, versucht man die Stellschrauben wie Mutationswahrscheinlichkeit oder Kinderanzahl per Hand zu verändern [20]. CoSyNE benutzt dafür eine eigene **genetische Methode**, um die Suche einfacher zu gestalten. Sie nennt sich Permutation und erzeugt innerhalb der gesamten Population Unterteilungen in kleinere Populationen die in einer **kooperativen und koevolutionären** Beziehung stehen.

2.4.1 Permutation

Der Permutationsschritt wird ganz am Ende von dem genetischen Algorithmus statt der Repopulation aufgerufen und vermischt jeden **Eigenschaftsraum** der Gesamtpopulation.

Individuum	Höchstgeschwindigkeit	Beinlänge	Gewicht	Hornlänge
1	60 $\frac{km}{h}$	40 cm	50 kg	10 cm
2	61 $\frac{km}{h}$	41 cm	51 kg	11 cm
3	62 $\frac{km}{h}$	42 cm	52 kg	12 cm
4	63 $\frac{km}{h}$	43 cm	53 kg	13 cm
5	64 $\frac{km}{h}$	44 cm	54 kg	14 cm
6	65 $\frac{km}{h}$	45 cm	55 kg	15 cm

Tabelle 2.9: Vor der Permutation

Individuum	Höchstgeschwindigkeit	Beinlänge	Gewicht	Hornlänge
1	61 $\frac{km}{h}$	43 cm	54 kg	12 cm
2	60 $\frac{km}{h}$	44 cm	51 kg	14 cm
3	64 $\frac{km}{h}$	45 cm	53 kg	10 cm
4	63 $\frac{km}{h}$	40 cm	52 kg	13 cm
5	62 $\frac{km}{h}$	41 cm	54 kg	11 cm
6	65 $\frac{km}{h}$	42 cm	50 kg	15 cm

Tabelle 2.10: Nach der Permutation

Wenn wir uns die Population als zweidimensionale Liste vorstellen, wo jedes Individuum eine eigene Liste mit seinen spezifischen Eigenschaften ist, können wir die Population transponieren, wobei nun jede Eigenschaft eine eigene Liste ist, diese zufällig vermischen und wieder zurück transponieren um die neuen Individuen zu bekommen. Der folgende Pythoncode veranschaulicht das Prinzip unter Verwendung der *numpy* Bibliothek.

```

1 import numpy as np
2
3 i_1 = [1,10,100,1000] # Individuum 1-5
4 i_2 = [2,20,200,2000]
5 i_3 = [3,30,300,3000]
6 i_4 = [4,40,400,4000]
7 i_5 = [5,50,500,5000]
8
9 population = np.array([i_1, i_2, i_3, i_4, i_5])
10 eigenschaftsraum = np.transpose(population)
11
12 for eig in eigenschaftsraum:
13     np.random.shuffle(eig)
14
15 population = np.transpose(eigenschaftsraum)
16
17 print population
18 > [[ 2   40   500 5000]
```

2 Definitionen

```
19      [ 1 50 200 1000]
20      [ 4 10 300 3000]
21      [ 3 30 100 2000]
22      [ 5 20 400 4000]]
```

Man erkennt leicht, dass keine der ursprünglichen Individuen erhalten bleibt und wir vollkommen neue bekommen. Der Sinn hinter dem Vermischen in der Eigenschaftsebene basiert auf der **Verknüpfung mit der Kreuzungsmethode**. Wenn wir zwei Individuen kreuzen, werden ihre Kinder die gesamte Information von ihren Eltern in der Population übernehmen. Da CoSyNE den Repopulationsschritt nicht ausführt, dafür aber alle restlichen Individuen wegwirkt, werden nur die Eigenschaften der Kinder übrig bleiben.

Das führt zur Homogenität in den einzelnen Eigenschaften, die zum Beispiel dafür verantwortlich ist, dass alle Individuen gleich große Hörner haben. Wenn nun innerhalb der Hornlänge zufällig gemischt wird, bleibt alles gleich, da die gesamte Liste aus dem gleichen Element besteht.

Die Annahme von CoSyNE ist dass die Lösung für das Problem in der Kombination von den Eigenschaften von allen Individuen liegt, die wir am Anfang erstellen. Durch das aggressive Aussortieren durchsuchen wir den Raum aller Möglichkeiten schneller und darin liegt der größte Vorteil von diesem Algorithmus. Dieser Mechanismus wird als **kooperative Koevolution** im Eigenschaftsraum interpretiert, da wir jede Eigenschaft als Population betrachten und darin eine genetische Suche abhängig voneinander vollziehen [18].

Wenn diese Annahme nicht stimmt und die Lösung nicht in einem Subset von allen Eigenschaften liegt, hat CoSyNE leider nur die Möglichkeit durch Mutation zum Ziel zu kommen. Deshalb wird dieser Parameter oft hoch gewählt [5][18][19].

2.5 Cross Entropy Method

Eine andere Möglichkeit die Individuen in dem GA zu kodieren stellt die **Cross Entropy Method** dar. Das ist ein Algorithmus der oft als Vergleichskriterium verwendet wird, da er oft zu suboptimalen Strategien konvergiert [21]. Die Anwendung in unserem neuroevolutionären Schema basiert darauf, dass wir Individuen nicht als Ansammlung von Zahlen zu speichern, sondern jede Eigenschaft als Normalverteilung dargestellt wird. Diese Abläufe illustrieren wir anhand der Erklärung für eine Normalverteilung.

2.5.1 Normalverteilung

Eine Normalverteilung ist eine sehr bekannte stetige Wahrscheinlichkeitsverteilung. Ihre Wahrscheinlichkeitsdichtefunktion wird oft Gauß-Kurve oder Glockenkurve genannt und findet Anwendung in verschiedensten Anwendungsgebieten, weil sie natürliche Vorgänge exakt oder ähnlich genug modelliert. Bekannte Beispiele dafür sind die Streuung von Messfehlern oder die irreguläre Bewegung von Partikeln in einer Flüssigkeit (**Brownsche Bewegung**).

Die Wahrscheinlichkeitsdichtefunktion der Normalverteilung ist von zwei Parametern abhängig, dem Durchschnitt und der Standardabweichung:

Sei μ der Durchschnitt,
 σ die Standardabweichung, dann ist

$$\mathcal{N}(x | \mu, \sigma^2) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \cdot e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

die Wahrscheinlichkeitsdichtefunktion der Normalverteilung.

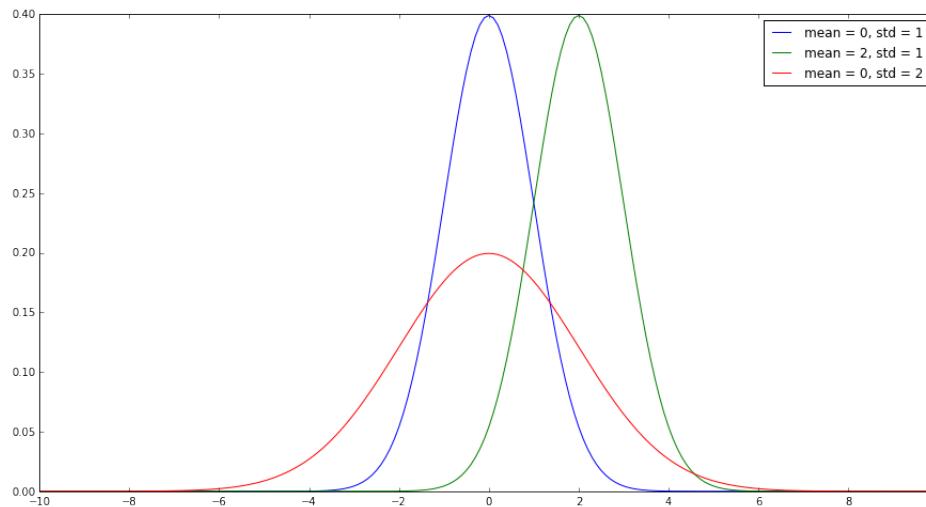


Abbildung 2.12: Dichtefunktionen von Normalverteilungen

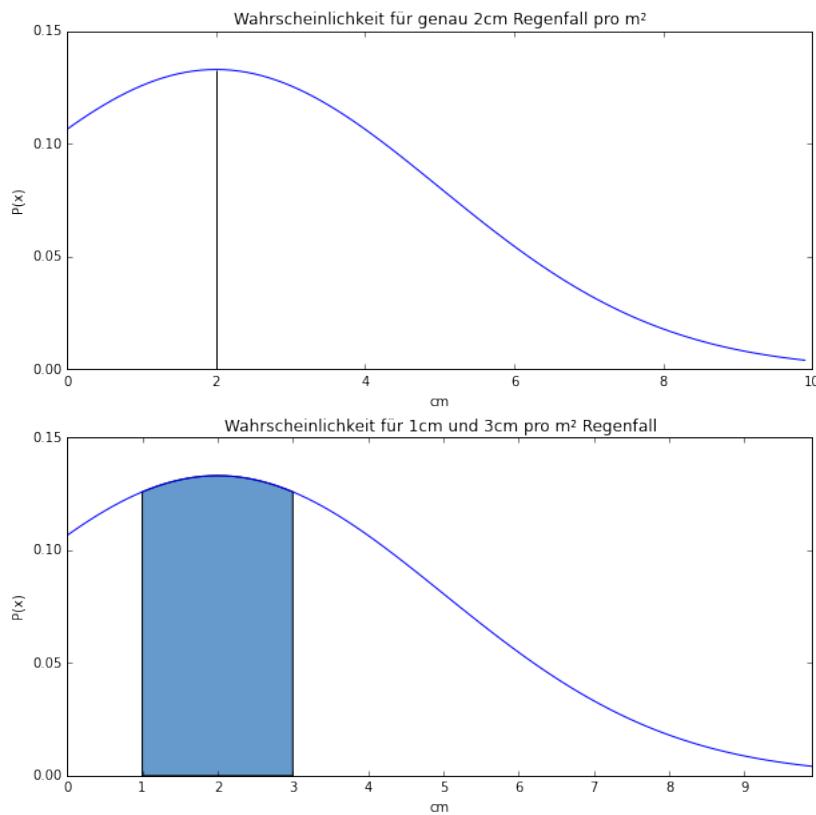
2 Definitionen

Die Abbildung (2.12) zeigt beispielhafte Ausprägungen der Dichtefunktion, an denen man erkennen kann, dass die Standardabweichung für die Amplitude und der Durchschnitt für die Phase verantwortlich ist. Um die Wahrscheinlichkeit zu berechnen, dass eine zufällige Variable \mathcal{X} mit den Grenzen $a \leq \mathcal{X} \leq b$ eintritt ist:

$$P(a \leq \mathcal{X} \leq b) = \int_a^b \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$$

Abbildung 2.13: Wahrscheinlichkeit der Ausprägung $a \leq \mathcal{X} \leq b$

Diese Formel lässt sich an dem Beispiel von Regenfall pro Quadratmeter veranschaulichen:



Die Wahrscheinlichkeit dass pro Quadratmeter *genau* 2cm Regenwasser fällt ist extrem gering, weil nicht ein Yoctometer (10^{-24}) mehr oder weniger fallen darf. Wenn wir diese zufällige Ausprägung jedoch als Grenzen definieren, dann steigt die Wahrscheinlichkeit. Die Wahrscheinlichkeit dass zwischen 1cm und 3cm Regenwasser fällt ist eine viel wertvollere Aussage und ist als Integral zwischen den Grenzen der Dichtefunktion definiert.

2.5.2 Kodierung durch Normalverteilungen

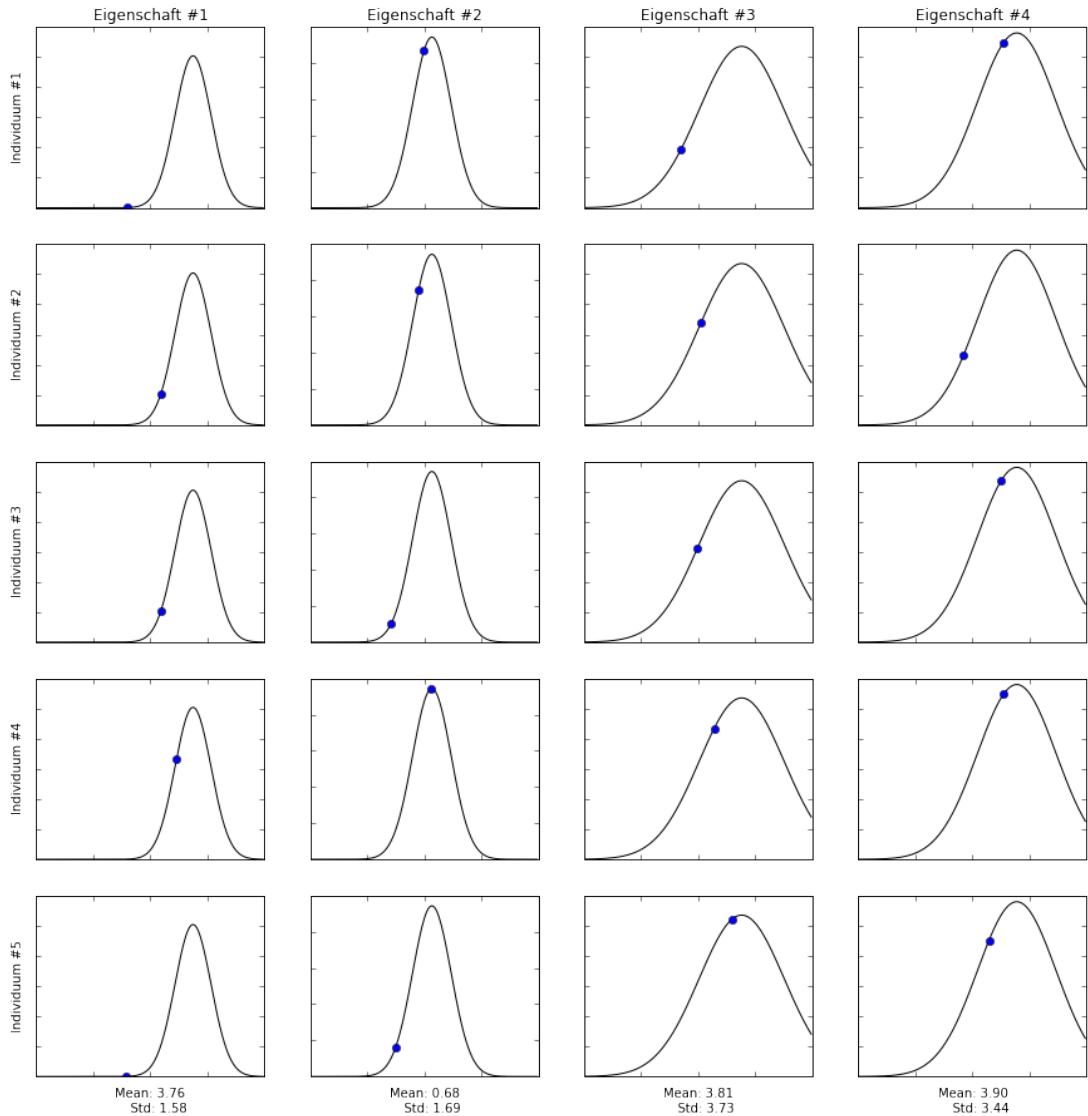


Abbildung 2.14: Kodierung der Eigenschaften durch Normalverteilungen

Stellen wir nun die Kodierung der Eigenschaften von jedem Individuum als Normalverteilung dar. Das bedeutet wir haben für jede Eigenschaft, zum Beispiel *Hornlänge*, einen Durchschnitt und eine Standartabweichung. Die Abbildung (2.14) zeigt dies beispielhaft für fünf Individuen mit jeweils 4 Eigenschaften dar.

Wenn wir Individuen erstellen wollen, müssen wir aus jeder Normalverteilung eine Stichprobe (die Punkte entlang der Graphen in 2.14) nehmen. Die Kreuzung und Mutation fallen aus, dafür berechnen wir nach jeder Simulation pro Eigenschaft neue Durchschnitte und Standartabweichungen aus den besten Individuen. Damit versuchen wir die Suche auf den vielversprechendsten Raum einzuschränken.

3 Umsetzung in RoboCup2D

RoboCup ist ein Fußball Simulator, der seine Anfänge in 1993 in Japan, Tokyo gefunden hat. Eine Gruppe von Forschern, inklusive Minoru Asada, Yasuo Kuniyoshi und Hiroaki Kitano, haben als einen Wettbewerb unter dem Namen **Robot J-League** gestartet. Der Name stammt von einer professionellen japanischen Fußball Liga.

Nach einem Monat haben sie jedoch weltweit überwältigendes Feedback bekommen und haben die Initiative als internationales Projekt weitergeführt, daher kam die Umbenennung zur **Robot World Cup Initiative**, kurz RoboCup.

Die RoboCup Initiative hat betreibt derzeit sechs große Wettbewerbe, die sich jeweils wieder in Ligen und Subligen aufteilen lassen. Darunter fällt **RoboCup Soccer**, **RoboCup Rescue Rescue**, **RoboCup Junior**, **RoboCup Logistics**, **RoboCup @ Work** und **RoboCup @ Home**. Unsere Implementierung fällt in die Subliga **2D Soccer Simulation**, in der es darum geht in einer zweidimensionalen Welt zwei Fußballmannschaften gegeneinander antreten zu lassen.

Die Aufgabe die wir angehen gehört zu einem Fragment von RoboCup2D, genannt **Half Field Offense**.

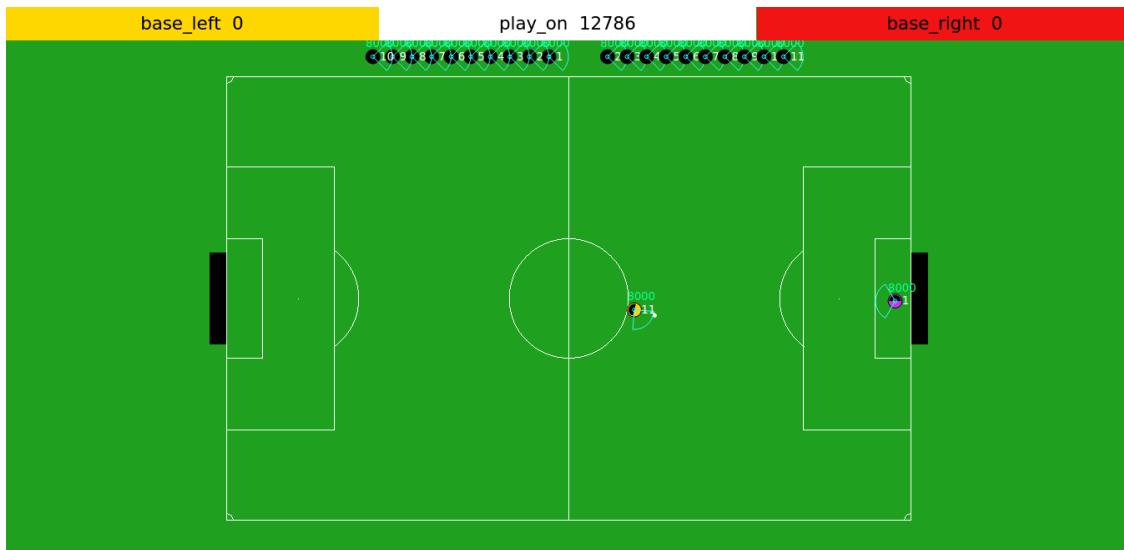


Abbildung 3.1: Screenshot von dem gesamten Spielfeld von RoboCup2D

3.1 Half Field Offense

Die Domäne Half Field Offense grenzt das Spielfeld auf eine Hälfte ein, sodass wir 4 Angreifer und 3 Verteidiger + Torwart haben. Diese Einschränkung vereinfacht den Such- und Zustandsraum immens und erlaubt potenziell eine Wiederverwendbarkeit der Agenten, wenn eine vollständige Mannschaft aufgebaut wird.

In unserer Implementierung haben wir lediglich ein 1vs1 Szenario, also ein Angreifer gegen ein Torwart. Diese sieht jedoch explizit eine nahtlose Skalierung auf ein 4vs4 Szenario vor, sodass weitere Parametrisierung ohne viel Aufwand ausprobiert werden können.

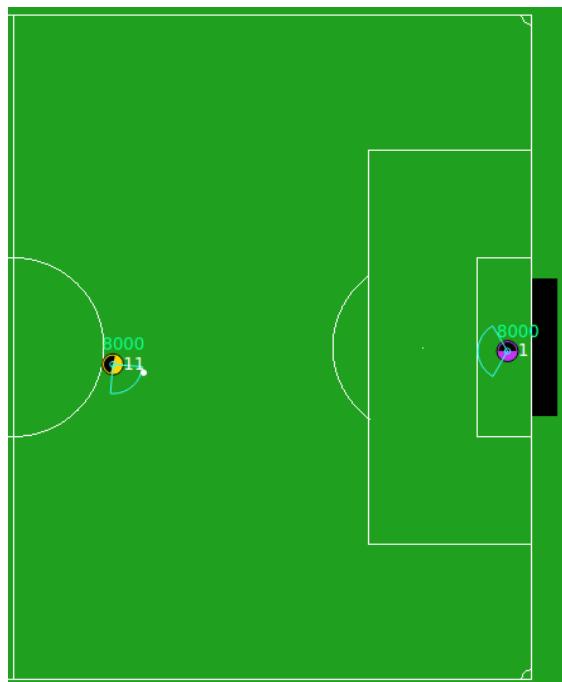


Abbildung 3.2: Screenshot von dem Spielfeld für den Subtask HFO

Im Folgenden wird die Domäne samt Zustandsraum und Aktionen erklärt, sowie ihren Einschränkungen für die Anwendung von Machine Learning Algorithmen.

3.1.1 Zustandsraum

Der Zustandsraum der HFO Domäne kann in den **High Level State** und den **Low Level State** aufgeteilt werden. Der Unterschied ist lediglich in der Dimensionalität, da man aus dem Low Level State den High Level State ableiten kann. Die Zustandsräume werden durch folgende Formeln definiert:

Sei T die Anzahl der Teammitglieder, O die Anzahl der Gegner:

$$\begin{aligned} \text{High Level State} &:= 10 + 6T + 3O \\ \text{Low Level State} &:= 58 + 8T + 8O \end{aligned}$$

In unserem 1vs1 High Level Setting haben wir damit 13 Zustandsparameter. Vier von diesen Parametern gehören zu dem Torwart, aber da seine Position implizit durch andere Ausprägungen gegeben ist, beachten wir sie nicht. Redundante Information würde den Suchraum unnötig aufblähen und die Suche verlängern. Deshalb wurden nur die folgenden 9 Zustände bereitgestellt:

Zustandsbeschreibung	Wertebereich	Winkel	Boole'sch	Lage	Anderes
x-Koordinaten	$[-1, +1]$				X
y-Koordinaten	$[-1, +1]$				X
Sichtrichtung	$[-1, +1]$	X			
Nähe zum Ball	$[-1, +1]$			X	
Winkel zum Ball	$[-1, +1]$	X			
Kann eine Ballaktion ausgeführt werden	$[-1, +1]$		X		
Winkel zum Mittelpunkt des Tors	$[-1, +1]$	X			
Größte offene Winkel zwischen Torwart und Torpfosten	$[-1, +1]$	X			

Tabelle 3.1: Zustandsraum von HFO 1vs1

Der Zustand kann in 4 Kategorien unterteilt werden, die auf den Wertebereich von $[-1, +1]$ reduziert wurden.

Winkelkodierung

Die Winkel sind im Bereich von $[0, \pi]$ und durch folgende Formel auf den Bereich $[-1, +1]$ transformiert:

Sei $f : [0, \pi] \rightarrow [-1, +1]$ die Kodierungsfunktion
 $g : [-1, +1] \rightarrow [0, \pi]$, die Inverse:

$$f(x) = \left(\frac{x}{\pi} - 1\right) \cdot 2 \quad g(x) = \left(\frac{x}{2} + 1\right) \cdot \pi$$

Boole'sche Kodierung

Die boole'schen Werte sind binär und -1 entspricht *false* und 1 entsprechend *true*.

Lagekodierung

Die Lagekodierung ist normalisiert auf der maximale diagonale Länge des Spielfelds die durch $\max_l = \sqrt{l^2 + w^2}$ gegeben ist, wobei l die Länge und w die Breite ist. In dem Fall für HFO, entspricht sie $\sqrt{2^2 + 2^2} = 2.82$.

Sei $f : [-\max_l, \max_l] \rightarrow [-1, +1]$ die Kodierungsfunktion

$g : [-1, +1] \rightarrow [-\max_l, \max_l]$, die Inverse:

$$f(x) = \frac{x}{\max_l} \quad g(x) = x \cdot \max_l$$

Anderes

Unter diese Kategorie fallen nur die x- und y-Koordinaten und sind trivialerweise im Bereich von $[-1, +1]$, weil das die Grenzen des Spielfelds sind.

Wir wollen an dieser Stelle anmerken dass wir alle Zustände mit normal verteilten Rauschen empfangen haben.

3.1.2 Aktionsraum

Es gibt 8 parametrisierte und 6 nicht parametrisierte Aktionen. Wir haben die Algorithmen über 5 der 6 Aktionen ohne zusätzlichen Argumente trainiert. Die Aktion *CATCH* ist für Angreifer illegal und wurde deshalb weggelassen. Die folgende Aufzählung beschreibt alle Aktionen: (*Genauere Erklärung von benutzen Aktionen kommt noch*)

Parametrisierte

- Dash(power, degrees)
- Turn(degrees)
- Tackle(degrees)
- Kick(power, degrees)
- Kick_To(x-coords, y-coords, speed)
- Move_To(x-coords, y-coords)
- Dribble_To(x-coords, y-coords)

Nicht parametrisierte

- Move
- Shoot
- Dribble
- Intercept
- Catch
- No-Op

Jedes Spiel hatte eine maximale Zeit die in Frames aufgeteilt war und jeder Agent wird zu jedem Frame gefragt ob er eine neue Aktion ausführen will. Wenn ein Timeout von einem festen Zeitabstand kommt, wird pauschal die No-Op Aktion ausgeführt.

3.1.3 Einschränkungen

Diese Domäne hat viele Einschränkungen wenn man sie mit herkömmlichen Machine Learning Tasks vergleicht (*Vergleich Moonrover, Roboterarm etc.*). Zum einen erlaubt sie uns wegen der Implementierung nicht in die Zukunft zu propagieren und zu schauen wie gut eine Entscheidung ist. Wir haben eine Simulation die erst nachdem ein Spiel fertig ist ein Fitnesssignal sendet und wir daraufhin abzuleiten müssen ob die lange Aktionsketten

die wir ausgeführt haben uns zum Erfolg führten. Diese Eigenschaft nennt sich **sparse Fitness** und findet sich in Beispielen wie (*Zitat*)

(Simulation based learning)

(Kontinuierlicher Zustandsraum, hohe Abstraktion)

3.2 Implementierung der Algorithmen

Der ausführliche Aufbau der Algorithmen wird näher im Appendix erklärt, hier schauen wir uns die Parametrisierung grobe Funktionsweise an. Die Simulation kann in die folgenden drei Teile unterteilt werden.

Simulationsserver

Der Simulationsserver ist in C++ geschrieben und wurde 1-zu-1 aus [6] übernommen. Er wird durch Flags beim Starten parametrisiert.

Agenten

Die Agenten sind in Python geschrieben und stellen eine Erweiterung von einem der Beispieldokumente dar[6]. Diese Prozesse werden auch mit eigenen Kommandozeilenparametern aufgerufen.

Koordinator

Der Koordinator ist für die Umsetzung des GAs und den jeweiligen Kodierungen zuständig, startet den Server und die Agenten Skripte und überwacht die Simulation. Er ist, wie alle folgenden Codebeispiele, in Haskell geschrieben.

Simulation

Jedes Team hat pro Generation 25 Spiele gespielt und die gesamte Simulation bestand aus insgesamt 375000 Spielen. Die Episodenzeit wurde auf 500 Echtzeitsekunden beschränkt, da ansonsten die simulierte Zeit pro Spiel nicht praktikabel war.

Für alle Simulationen galten die folgenden Rahmenbedingungen:

Generationen	300
Populationsgröße	50
Teamepisoden	25
Episodenzeit	500s
Ball nicht berührt	50s
α	0.25
β	0.10

3.2.1 Wahrscheinlichkeitsverteilung von Aktionen

Der erste Algorithmus hat als Kodierung der Individuen eine diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilung über 5 Aktionen benutzt. Wenn der Agent gestartet wurde samplet er jeden Zeitschritt ohne Wissen über jeglichen Zustand aus dieser Verteilung raus.

Kodierung

Sei das Set von allen Aktionen $X := \{\text{Move, Shoot, Dribble, Intercept, No-Op}\}$, $P(x)$ die Wahrscheinlichkeit dass x eintrifft, dann gilt:

$$\forall x \in X : P(x) \geq 0 \quad \wedge \quad \sum_{x \in X} P(x) = 1$$

Abbildung 3.3: Kodierung der Aktionen als Wahrscheinlichkeitsverteilung

Kreuzung

Die Kreuzung wurde auf zwei verschiedenen Arten umgesetzt, wobei sie im Vergleich an der vollständige Simulation weder neueartige Lösungen entwickelt haben, noch die Konvergenzzeit beeinflusst wurde.

Generator

Die erste Methode kam aus der Idee wie man mit einer absehbaren Laufzeit eine Wahrscheinlichkeitsverteilung über n Aktionen erstellt. Dafür werden $n - 1$ zufällige Zahlen erstellt, als Liste verpackt, sortiert und jeweils eine 0 von vorne und eine 100 am Ende angehängt.

```

1 > let n = 5
2 > take (n-1) <$> getRandomRs (0,100)
3 [87, 15, 55, 38]
4 > sort it
5 [15, 38, 55, 87]
6 > 0 : it ++ [100]
7 [0, 15, 38, 55, 87, 100]
```

Anschließend wird diese Liste dupliziert und um ein Element nach rechts verschoben und paarweise voneinander abgezogen.

```

1 > let l1 = [0, 15, 38, 55, 87, 100]
2 > drop 1 l1
3 [15,38,55,87,100]
4 > let l2 = it
5 > {-
6   [15, 38, 55, 87, 100]
7   - [0, 15, 38, 55, 87, 100]
8   = [15, 23, 17, 32, 13]
9 }
```

```

10 > zipWith (-) 12 11
11 [15, 23, 17, 32, 13]
12 > sum it
13 100

```

Damit haben wir eine Wahrscheinlichkeitsverteilung über 5 Aktionen und können uns sicher sein dass sie aufsummiert immer 100 ergibt. Die Kreuzung von zwei solcher Individuen wurde mit den jeweiligen Listen umgesetzt, aus denen sie generiert wurden. Dafür wurde elementweise der Durchschnitt berechnet und daraus entsteht dann eine neue Generatorliste aus der sich die Verteilung berechnen lässt.

```

1 > let individualA = [0, 15, 38, 55, 87, 100]
2 > let individualB = [0, 7, 22, 35, 51, 100]
3 > zipWith (\x y -> (x + y) `div` 2) individualA individualB
4 [0, 11, 30, 45, 69, 100]

```

Normalisierung

Die zweite Methode hat beide Verteilungen genommen, die Wahrscheinlichkeiten für jeweiligen Aktionen addiert und folgendermaßen normalisiert.

Seien \mathcal{A}, \mathcal{B} die diskreten Wahrscheinlichkeitsverteilungen, $l = |\mathcal{A}|$:

$$\mathcal{C} := \left\{ \frac{(a_i + b_i)}{l} \mid a_i \in \mathcal{A}, b_i \in \mathcal{B} \right\}$$

dann ist \mathcal{C} ist ihre Verknüpfung.

Abbildung 3.4: Normalisierung von Wahrscheinlichkeitsverteilungen

Mutation

Die Mutation wurde auch mit jeweils dem Generator sowie Normalisierung umgesetzt. Im Kern ist jedoch die Funktion die das δ benutzt und es mit zufälligen Vorteichen in die Anzahl der Aktionen aufgeteilt. Man kann sich das δ als Veränderungsfaktor vorstellen, je höher er ist, umso unterschiedlicher wird die Wahrscheinlichkeitsverteilung.

```

1 > let delta = 20
2 > splitDelta delta 5
3 [-4, +4, +4, -4, -4]                                > let delta = 100
                                                > splitDelta delta 4
                                                [-25, +25, +25, -25]

```

Generator

Wir erstellen teilen das δ in $n - 1$ Teile auf, fügen eine 0 von vorne und 100 von hinten hinzu und verknüpfen es analog wie in der Kreuzung mit dem Ausgangsgenerator. Diesmal müssen wir jedoch die Zahlen per Hand auf den Bereich von 0 – 100 begrenzen.

3 Umsetzung in RoboCup2D

```
1 > let delta = 100
2 > splitDelta delta 4
3 [-25, +25, +25, -25]
4 > let mutGen = 0 : it ++ [100]
5 > let child = [0, 14, 31, 49, 75, 100]
6 > {-  
7   [0, -25, +25, +25, -25, 100]  
8 + [0, 14, 31, 49, 75, 100]  
9 = [0, -11, 56, 74, 50, 200]  
10 min 0  
11   [0, 0, 56, 74, 50, 200]  
12 max 100  
13   [0, 0, 56, 74, 50, 100]  
14 sort  
15   [0, 0, 50, 56, 74, 100]  
16 -}  
17 > sort $ zipWith (((max 0 . min 100) . (+)) child mutGen
18 [0,0,50,56,74,100]
```

Aus diesem Generator kann wieder eine Wahrscheinlichkeitsverteilung erstellt werden.

Normalisierung

Bei der Lösung mit der Normalisierung generieren wir uns wieder die Liste aus dem δ , summieren sie elementweise mit der Verteilung, überprüfen ob die Grenzen von $[0, 100]$ überschritten wurden und normalisieren sie wie in der Kreuzung.

```
1 > let delta = 50
2 > splitDelta delta 5
3 [-10, +10, +10, -10, -10]
4 > let mutGen = it
5 > let child = [15, 8, 34, 21, 22]
6 > zipWith (((max 0 . min 100) . (+)) child mutGen
7 [5,18,44,11,12]
8 > normalizeDist it
9 [5,20,48,12,15]
```

Damit bekommen wir wieder eine veränderte diskrete Verteilung zurück.

3.2.2 Cross Entropy mit DCT

1108 Gewichte für das 9-12-5 LSTM Netz in 20 Koeffizienten kodiert (1:55)

3.2.3 Neuroevolution mit DCT

1108 Gewichte für das 9-12-5 LSTM Netz in 20 Koeffizienten kodiert (1:55)

3.2.4 CoSyNE mit DCT

1108 Gewichte für das 9-12-5 LSTM Netz in 20 Koeffizienten kodiert (1:55)

3.3 Resultate

Im folgenden Teil beschreiben wir die Resultate und versuchen diese zu begründen. Durchschnittlich hat eine Trainingsphase mit 300 Generationen, Population der Größe 50 und 25 Episoden pro Team 30 Stunden gedauert. Der Suchraum für die Neuroevolution wurde von 916 Gewichten auf 20 Koeffizienten reduziert, welches einer Kompressionsrate 1:45 entspricht. Die Simulationen wurden auf einem Laptop mit einem Intel i5 mit Dual Core 2.9GHz und 4GB Arbeitsspeicher ausgeführt.

Nachdem wir pro Algorithmus die besten 5 Individuen ermittelt haben, ließen wir sie jeweils 10000 Spiele spielen, um die erfasste Fitness auf ihre Stabilität zu testen.

Sei $F_{Entwicklung}$ die entwickelte Fitness und F_{Test} die neu getestete Fitness. Die Stabilität wird danach gemessen wie gering die Abweichung von F_{Test} zu $F_{Entwicklung}$ ist. Je kleiner die Abweichung, umso stabiler und sicherer spielt das Individuum.

$$\text{Abweichung} = \frac{F_{Entwicklung} - F_{Test}}{F_{Entwicklung}}$$

3.3.1 1v1

Unser Lernziel für die HFO Domäne war einen offensiven Spieler zu trainieren der gegen einen vom Server gesteuerten Torwart so gut es geht Tore schießt. Das haben wir mit vier in Kapitel 2 angesprochenen Algorithmen getestet und stellen die Resultate vor.

Wahrscheinlichkeitsverteilung

Die Wahrscheinlichkeitsverteilung war der erste naive Ansatz um zu überprüfen ob die Domäne bereits durch eine einfache Kodierung lösbar ist. Leider ging die Varianz in der Population nach der 10 Generation gegen 0 und die Verteilung sah folgendermaßen aus:

Aktionen	P(Aktion)
Move	22%
Dribble	22%
Intercept	22%
No-Op	22%
Shoot	2%

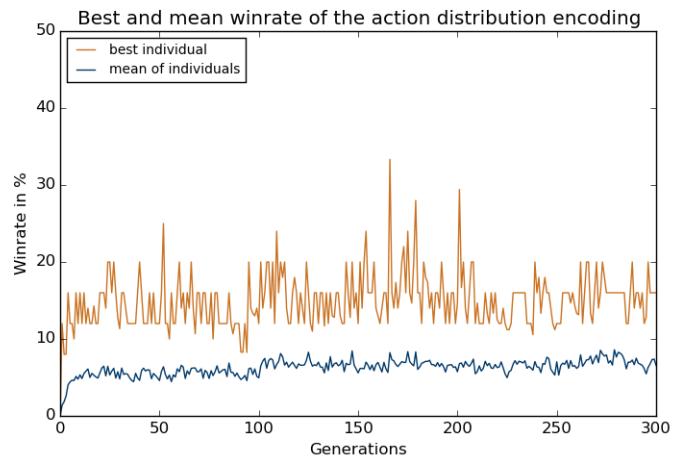


Abbildung 3.5: Fitness Graph für die Wahrscheinlichkeitsverteilung

Die gesamte Population ist zu dem Ergebnis konvergiert, dass jede Aktion gleich wahrscheinlich ist, bis auf *Shoot*. Die Schussaktion hat wahrscheinlich zu oft zu einem Schuss ins Aus geführt, was sofort das Spiel als zu Gunsten des Torwarts beendet.

Die maximale erreichte Fitness beträgt 33% und schwankt im Bereich von [15, 25] mit ein paar Ausreißern. Leider stellt sich heraus dass die besten drei Werte Ausreißer waren und keinesfalls die durchschnittliche Gewinnwahrscheinlichkeit darstellen.

	Trained Fitness	Tested Fitness	Error
Nr.1	33.33%	5.26%	82.22%
Nr.2	29.41%	8.87%	70.52%
Nr.3	28.00%	6.06%	78.36%
Nr.4	25.00%	2.18%	91.28%
Nr.5	24.00%	6.42%	73.25%
Mean	27.95%	5.72%	79.53%

Tabelle 3.2: Stabilität der besten 5 Wahrscheinlichkeitsverteilungs Individuen

Die durchschnittliche Gewinnwahrscheinlichkeit liegt bei 5.72% und wenn man den Spieler beobachtet kann man sich beim besten Willen nicht erklären, wie er überhaupt schafft Tore zu schießen, da er meistens versucht ins Tor zu laufen während ihm der Ball abgenommen wird. Es ist aber auch nicht verwunderlich, da der Spieler weder weiß wo der Torwart ist, ob er den Ball hat, noch wo er sich auf dem Spielfeld befindet.

(*Link zum Video*)

Cross Entropy

Die Cross Entropy Methode hat sehr interessante Ergebnisse produziert, da sie durchschnittlich eine 4% bessere Fitness hat, die Stabilität jedoch um 3% schlechter ist, als wie die Wahrscheinlichkeitsverteilung.

Sie ist nach ungefähr 50 Generationen konvergiert und die maximale erreichte Fitness beträgt 32% und schwankt im Bereich von [15, 30].

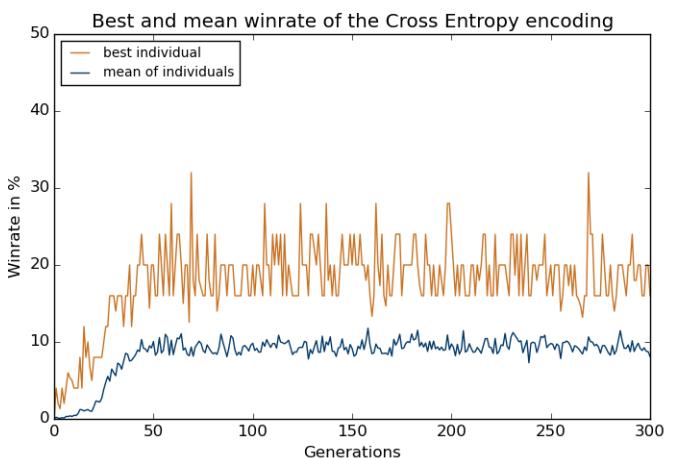


Abbildung 3.6: Fitness Graph für Cross Entropy

	Trained Fitness	Tested Fitness	Error
Nr.1	32.00%	7.26%	77.31%
Nr.2	32.00%	7.46%	76.69%
Nr.3	28.00%	7.37%	73.68%
Nr.4	28.00%	7.27%	74.04%
Nr.5	28.00%	3.46%	87.64%
Mean	29.60%	6.56%	77.87%

Tabelle 3.3: Stabilität der besten 5 Cross Entropy Individuen

Von den Werten sieht man kaum einen Unterschied zu der Wahrscheinlichkeitsverteilung, aber in der Simulation merkt man ein extrem aggressives Verhalten vom Spieler. Der Agent schießt den Ball sehr oft und versucht bereits nachdem er die Mitte des Spielfeldes überquert hat ein Tor zu schießen, unabhängig davon ob er in einer guten Position ist. Das führt natürlich wieder dazu dass er öfter ins Aus schießt, ist aber wesentlich interessanter anzuschauen, da er von Spiel zu Spiel unberechenbar ist.

(*Link zum Video*)

Neuroevolution

Der Ansatz die Gewichte naiv als DCT Koeffizienten darzustellen führe zu den besten Ergebnissen. Das stärkste Individuum hat knapp jedes zweite Spiel gewonnen und ist mehr als 3-mal stabiler als die Cross-Entropy Lösung. Die Fitness hat sich nach ungefähr 150 Generationen im Bereich von [30, 45] eingependelt.

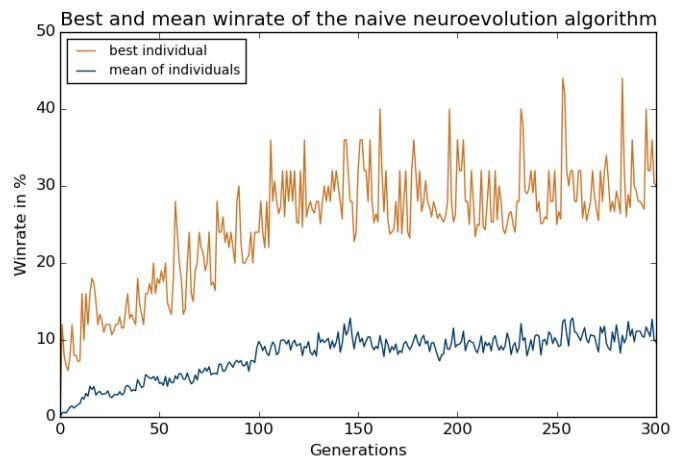


Abbildung 3.7: Fitness Graph für Cross Entropy

	Trained Fitness	Tested Fitness	Error
Nr.1	44.00%	19.04%	56.72%
Nr.2	44.00%	20.18%	54.14%
Nr.3	42.00%	20.07%	52.21%
Nr.4	40.00%	20.10%	49.75%
Nr.5	40.00%	21.28%	46.80%
Mean	42.00%	20.13%	51.93%

Tabelle 3.4: Stabilität der besten 5 Neurevolution Individuen

Die stabile Fitness ist bei knapp 20% und damit gewinnen diese Individuen durchschnittliche jedes fünfte Spiel. Die Spielweise von diesem Ansatz könnte man *geplant* erklären, da der Spieler oft zum Tor rennt, kurz vor dem Strafraum stehen bleibt und von Ecke zu Ecke pendelt bis er den Torwart etwas aus dem Tor gelockt hat um ein Tor zu schießen. Wenn er mal verliert, ist es weil er sofort zum Beginn des Spieles sich ins Aus schießt, oder zu nah am Tor ist, sodass ihm der Ball abgenommen wird.

(*Link zum Video*)

CoSyNE

Der CoSyNE Algorithmus ist in der durchschnittlichen Fitness knapp 5% hinter der Neuroevolution, hat dafür aber ganze 15% in der Stabilität verloren. Aus der Natur von dem CoSyNE gab es selbst bei der 300 Generation noch extrem unterschiedliche Individuen und eine Konvergenz war nicht zu erkennen.

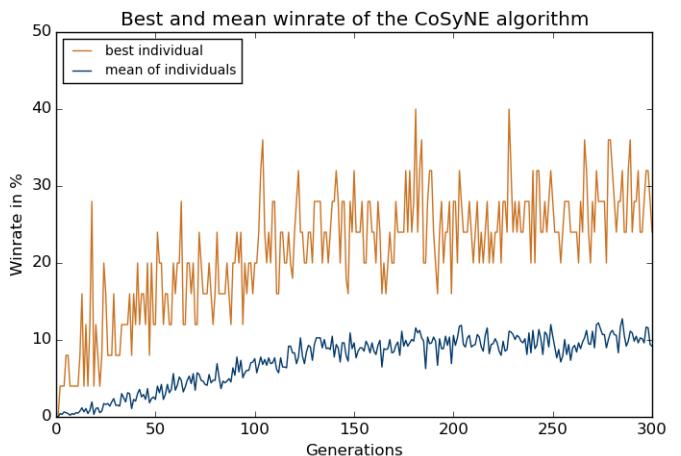


Abbildung 3.8: Fitness Graph für Cross Entropy

	Trained Fitness	Tested Fitness	Error
Nr.1	40.00%	14.21%	64.47%
Nr.2	40.00%	14.22%	64.45%
Nr.3	36.00%	12.68%	64.48%
Nr.4	36.00%	15.42%	57.16%
Nr.5	36.00%	5.75%	84.02%
Mean	37.60%	12.45%	66.98%

Tabelle 3.5: Stabilität der besten 5 Neurevolution Individuen

Die besten Individuen haben lediglich nur knapp 12% ihrer Spiele gewonnen und man kann eine ähnliche Taktik wie die Neuroevolution Agenten erahnen, nur wesentlich schlechter umgesetzt. Es passiert häufig, dass der Agent kurz vor dem Strafraum stehen bleibt und sich für eine sehr lange Zeit nicht bewegt. Da der Torwart nicht zu weit von dem Tor rausgeht, befinden sie sich im Deadlock bis der Agent versucht ein Tor zu schießen. Das Schießen am Anfang des Spiels tritt hier auf gehäuft auf.

([Link zum Video](#))

3.3.2 Vergleich

Im Vergleich zwischen allen Algorithmen sieht das Ranking folgendermaßen aus:

Algorithmus	E(Trained Fitness)	E(Tested Fitness)	E(Error)
Neuroevolution	42.00%	20.13%	51.93%
CoSyNE	37.60%	12.45%	66.98%
Cross-Entropy	29.60%	6.56%	77.87%
Wahrscheinlichkeitsverteilung	24.60%	6.15%	74.88%

Tabelle 3.6: Alle Algorithmen gegenübergestellt

Neuroevolution gewinnt eindeutig in allen getesteten Merkmalen und hat während den Aufnahmen den raffiniertesten Eindruck gemacht. Wir sehen pauschale Aggressivität wie bei Cross-Entropy zwar interessante Züge macht, jedoch nicht tauglich ist für den Einsatz auf dem echten Spielfeld.

Sicherheit und die *Planung* machen auf lange Sicht viel mehr Sinn und sollten verstärkt werden. Der CoSyNE Algorithmus unterstützt diese Art von Entwicklung in dieser Dimensionalität schlechter als die naive Suche über alle Parameter. Es ist zu überprüfen ob diese Aussage für gleichzeitiges Lernen in einem 2v1 Setting übereinstimmt.

(Link zur Best-Of-Compilation Video)

4 Diskussion

“Im Folgenden bespreche ich die Nützlichkeit der Ergebnisse”

4.1 Anwendungsmöglichkeiten

“Wenn starke Einschränkungen bestehen sind, waren diese Algorithmen zielführend”

4.2 Coevolutionärer Aspekt

“Die Annahmen für Netze zu treffen ist interessant gewesen, hat anscheinend auch für 30k Gewichte geklappt, sollte man später zum checken”

4.3 Ausblick

“Im Folgenden gebe ich meinen Senf zu den Parametrisierungen an und wenn die Welt perfekt wäre, was ich dann machen würde”

4.3.1 Genetische Algorithmen

“Hab nicht an den Parameteren gespielt”

4.3.2 Aufbau des neuronalen Netzes

“Hab nicht verschiedene Netze ausprobiert”

4.3.3 Cross Entropy

“Hab die naivste Implementierung genommen, könnte viel viel besser werden, wenn man Grips reinsteckt”

4.3.4 Aktionsraum

“Hätte bessere Aktionen definieren können, die schlauere Spielzüge erlauben, da ich die Vermutung habe dass die jetzigen ein Hardcap an Qualität bieten”

4.3.5 Multi-Agenten Systeme

“Hatte noch keine Möglichkeit in diese Domäne ausführlich zu testen”

4.4 Verwandte Felder

“Folgende Reads sind nice”

4 Diskussion

4.4.1 Implementierung für OpenAI Gym

“Update für OpenAI Gym, meine Implementierung wird folgen”

“Keine Multi-Agenten Setting möglich, dsw ist meine Arbeit nicht umsonst gewesen”

4.4.2 Bestärkendes Lernen - Black Box RL

“Wenn man die Netze als Policy betrachtet ist meine Arbeit eine Anwendung im Reinforcement Learning Bereich gewesen”

4.4.3 Convolutional neuronale Netze und CoSyNE

“Warum ist die Annahme für homogene Netzstrukturen besser für Convolutional Networks”

“Evtl ist CoSyNE dort richtig geil”

Roboterarm

“Bilder, Graphen und Parametrisierung zeigen + Link + Zitat”

Rennspiel

“Bilder, Graphen und Parametrisierung zeigen + Link + Zitat”

Literaturverzeichnis

- [1] J. Schmidhuber, “Deep learning in neural networks: An overview.” <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0893608014002135>, October 2014.
- [2] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, “Imagenet classification with deep convolutional neural networks.” <http://papers.nips.cc/paper/4824-imagenet-classification-with-deep-convolutional-neural-networks.pdf>, 2012.
- [3] A. H. David Silver, “Mastering the game of go with deep neural networks and tree search.” <http://airesearch.com/wp-content/uploads/2016/01/deepmind-mastering-go.pdf>, 2016.
- [4] S. D. Aaron van den Oord, “Wavenet: A generative model for raw audio.” <https://arxiv.org/pdf/1609.03499.pdf>, 2016.
- [5] J. S. Jan Koutník, Faustino Gomez, “Evolving neural networks in compressed weight space,” *GECCO '10*, 2010.
- [6] P. M. Matthew Hausknecht, “Half field offense: An environment for multiagent learning and ad hoc teamwork.” <http://www.cs.utexas.edu/~pstone/Papers/bib2html-links/ALA16-hausknecht.pdf>, 2016.
- [7] D. R. B. David Beasley, “An overview of genetic algorithms: Part 1, fundamentals.” <http://www.geocities.ws/francorbusetti/gabeasley1.pdf>, 1993.
- [8] Wikipedia, “Gazelle — Wikipedia, the free encyclopedia.” <https://en.wikipedia.org/wiki/Gazelle>, 2016. [Online; accessed 12-Nov-2016].
- [9] A. Bradford, “Gazelle: Facts and pictures.” <http://www.livescience.com/27545-fun-facts-about-gazelles.html>, 2014. [Online; accessed 12-Nov-2016].
- [10] D. Whiteley, “Applying genetic algorithms to neural network problems: A preliminary report,” 1988.
- [11] R. M. David E. Moriarty, “Game playing othello neuro-evolution marker-based encoding.” <http://dx.doi.org/10.1080/09540099509696191>, 1995.
- [12] S. Herculano-Houzel, “The remarkable, yet not extraordinary, human brain as a scaled-up primate brain and its associated cost,” *Proc Natl Acad Sci USA*, 2012.
- [13] K.-l. Hsu, H. V. Gupta, and S. Sorooshian, “Artificial neural network modeling of the rainfall-runoff process,” *Water Resources Research*, vol. 31, no. 10, pp. 2517–2530, 1995.
- [14] J. S. Sepp Hochreiter, “Long short term memory.” http://deeplearning.cs.cmu.edu/pdfs/Hochreiter97_lstm.pdf, 1997.
- [15] A. G. Jürgen Schmidhuber, “Framewise phoneme classification with bidirectional lstm and other neural network architectures,” *IJCNN*, 2005.

Literaturverzeichnis

- [16] Hecht-Nielsen, “Theory of the backpropagation neural network.” <http://ieeexplore.ieee.org/document/118638/>, 1989.
- [17] D. E. Moriarty, A. C. Schultz, and J. J. Grefenstette, “Evolutionary algorithms for reinforcement learning,” *J. Artif. Intell. Res.(JAIR)*, vol. 11, pp. 241–276, 1999.
- [18] F. Gomez, J. Schmidhuber, and R. Miikkulainen, “Efficient non-linear control through neuroevolution,” in *Proceedings of the European Conference on Machine Learning*, (Berlin), pp. 654–662, Springer, 2006.
- [19] J. S. Jan Koutník, Faustino Gomez, “Evolving deep unsupervised convolutional networks for vision-based reinforcement learning,” *GECCO '14*, 2014.
- [20] J. J. Grefenstette, “Optimization of control parameters of genetic algorithms,” *IEEE Transactions on system, man and cybernetics*, 1986.
- [21] I. Szita and A. Lörincz, “Learning tetris using the noisy cross-entropy method,” *Neural Computation*, 2006.