

BACHELORARBEIT

Neuroevolution in RoboCup2D

Alexander Isenko

Entwurf vom 6. Dezember 2016



BACHELORARBEIT

Neuroevolution 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 Kosinustransformationen** unter der Annahme reduziert, dass benachbarte Gewichte in neuronalen Netzen zueinander korreliert sind. Die Domäne ist eine Fußballsimulation, **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 transformation** 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 offensive policies for the **1 versus 1 scenario** with the goal keeper from the standard implementation. The languages used were Haskell and Python.

Inhaltsverzeichnis

1 Einführung	1
1.1 Aufgabenstellung	1
1.2 Motivation	2
1.3 Aufbau der Arbeit	2
2 Grundlagen	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	13
2.3 Diskrete Kosinustransformation	14
2.3.1 Kodierung des Suchraums	14
2.4 Cooperative Synapse Neuroevolution	16
2.4.1 Permutation	16
2.5 Cross Entropy Method	19
2.5.1 Normalverteilung	19
2.5.2 Kodierung durch Normalverteilungen	21
3 RoboCup2D	23
3.1 Half Field Offense	24
3.1.1 Zustandsraum	25
3.1.2 Aktionsraum	26
3.1.3 Einschränkungen	27
3.2 Implementierung der Algorithmen	28
3.2.1 Wahrscheinlichkeitsverteilung von Aktionen	29
3.2.2 Agentenstrategien als ANN mit DCT	32
4 Resultate	33
4.1 WvA	34
4.2 Cross Entropy	36
4.3 Neuroevolution	38
4.4 CoSyNE	40
4.5 Vergleich	42

Inhaltsverzeichnis

5 Diskussion	43
5.1 Anwendungsmöglichkeiten	43
5.2 Ausblick	44
5.3 Schlusswort	46
Literaturverzeichnis	49

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 vielseitiger eingesetzt werden, weil sie weniger Einschränkungen für die Anwendungsdomäne haben. Sie benötigen keine vorher beschriftete Daten und eignen sich für simulationbasiertes Training mit seltenen Fitnesssignalen.

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 in der Literatur [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** ohne Gradient, 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 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 Fitness Funktionen benötigen, die von Hand für das Ziel angepasst wurden.

Deshalb betrachten wir verschiedene Möglichkeiten mithilfe eines genetischen Algorithmus neuronalen Netze zu entwickeln, die als Fitnessignal 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 erklären wir im Kapitel 2 die Grundlagen von genetischen Algorithmen, die Hinführung zur Entwicklung von neuronalen Netzen, den CoSyNE Algorithmus und die Cross Entropy Method. Kapitel 3 beschäftigt sich mit der Domäne und der Parametrisierung aller getesteten Algorithmen. Im Kapitel 4 beschreiben wir die Resultate und vergleichen sie untereinander. Das Kapitel 5 gibt einen Ausblick in weitere Verbesserungsmöglichkeiten, stellt Vergleiche zu bisherigen Resultaten von CoSyNE dar und behandelt verwandte Felder.

2 Grundlagen

Dieses Kapitel bietet Einblick in die Grundlagen von **genetischen Algorithmen** (Kap. 2.1) im Zusammenhang mit **neuronalen Netzen** (Kap. 2.2) und der **Cross Entropy Method** (Kap. 2.5). Außerdem werden einige Verbesserungen zu den naiven Methoden besprochen, wie die Reduzierung des Suchraums durch **Fourier-Transformationen** 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 (*genetic algorithm*), 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.

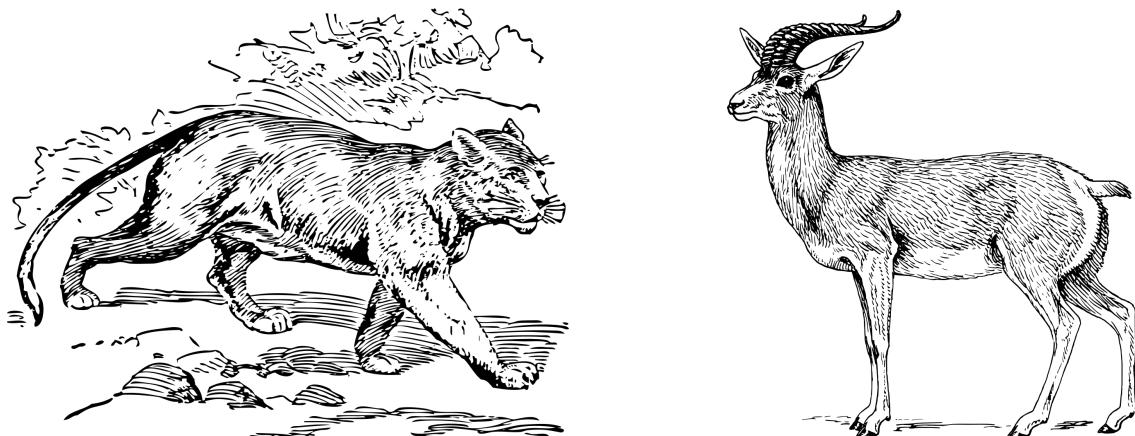


Abbildung 2.1: Illustration eines Geparden und einer Gazelle

Sei unser Gepard durch seine Geschwindigkeit den Gazellen überlegen, dann wird die Gazellenherde über Zeit in ihrer Anzahl sinken. Dabei werden die langsamsten 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**.

2 Grundlagen

Jede Gazelle, oder auch **Individuum** genannt, hat eine eigene Fitness, die es bei der Geburt noch nicht weiß, da sie noch nie vor einem Geparden weglaufen musste. Erst nachdem sie einmal erfolgreich entwischt ist, kennen wir ihre Fitness.

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 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 die überlebenden Gazellen sich fortgepflanzt haben, 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 aussagekräftigen Eigenschaften von ihm ausmachen. Für eine Gazelle wäre beispielweise die Kodierung aus Tabelle 2.1 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 wegzulaufen. Da wir aber nicht wissen, ob die vorgeschlagene Kodierung gut oder schlecht ist, müssen wir Gazellen mit zufälligen Eigenschaften erstellen und dann den Algorithmus anwenden.

Das schaffen wir, indem wir Grenzen für die Kodierung festlegen (Tabelle 2.2) 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. Nach einer festen Zeitspanne ist es unsere Aufgabe alle Gazellen wieder aufzusammeln. Dadurch finden wir heraus wie viele 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. Dieses Verfahren haben wir in den Tabellen 2.3, 2.4, 2.5, 2.6 dargestellt.

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 wiederholen, wie wir Eltern finden, oder bis wir genug Kinder produziert haben.

2 Grundlagen

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

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

In Z.2-3 definieren wir die Eigenschaften der Mutter und des Vaters. Dann iterieren wir durch die Länge der Kodierung (Z.6) und wählen mit einer 50% Wahrscheinlichkeit (Z.7-8) 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 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 bekommt, 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 die Varianz der Gesamtpopulation damit weniger beeinflusst wird und trotzdem keinerlei Information verloren geht, weil die Eltern die Kodierung weiterhin behalten.

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 . Die Tabellen 2.7 und 2.8 zeigen diese Veränderung am Beispiel des Kindes aus Tabelle 2.6.

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

```

In Z.2-3 definieren wir Mutationswahrscheinlichkeit und die Kinder. Dann gehen wir jede Kodierung von jedem Kind durch (Z.4-5) und verändern die Eigenschaft mit einer 10% Wahrscheinlichkeit (Z.6-8).

Dieser Schritt ist wichtig, damit trotz konvergierter Population neue Eigenschaften ausprobiert werden, da sie vielleicht eine bessere Lösung anbieten. 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 erforderliche Eigenschaften verloren gehen. In Kapitel 3.2.1 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 in der neuen Population zwei Individuen fehlen und können die Simulation deshalb 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 Feststrecken in suboptimalen Lösungen.

Nicht selektierte Individuen nachfüllen

Man kann die nicht benutzten Individuen aus der vorherigen Population zum Auffüllen benutzen, was 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, weil dadurch die Varianz der Population angehoben wird und dadurch mehr Lösungen möglich sind. Der Nachteil dabei ist das Fehlen von potenziellen Kinder, aber da die Kodierung von den Eltern erhalten bleibt (Kapitel 2.1.4), können wir dies vernachlässigen.

2.2 Neuroevolution

Der Begriff der Neuroevolution wurde im Jahre 1988 von D. Whitley [10] als alternative Möglichkeit zum Trainieren von künstlichen neuronalen Netzen (*artificial neural network, ANNs*) vorgeschlagen. Dabei wird versucht aus der Synergie von dem **selbstlernenden Charakter** von ANNs 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* gebracht [11].

Wir versuchen in diesem Kapitel einen groben Überblick über die Funktionsweise von ANNs zu verschaffen und stellen den Bezug zu genetischen Algorithmen dar. Eine weitaus formalere Erklärung findet sich im Paper von Derrick H. Nguyen und Berndard Widrow [12].

2.2.1 Künstliche neuronale Netze

Die Idee hinter künstlichen neuronalen Netzen ist der Versuch die Struktur vom menschlichen Gehirn nachzuahmen. Ein übliches ANN besteht jedoch aus vielfach weniger Neuronen, meist hundert bis mehrere tausend, wobei unser Gehirn 86 Milliarden besitzt [13]. Ein künstliches Neuron kann man sich anschaulich als Formel vorstellen, die **eins oder mehrere Eingabesignale** über **gewichtete Pfade** bekommt, sie **aufsummiert** und eine **Aktivierungsfunktion** auf das Ergebnis anwendet. Diese bildet das Ergebnis auf den Bereich $[0, \infty]$, $[0, 1]$, oder $[-1, 1]$ ab. Dieses Resultat nennen wir \hat{y} :

Sei n die Anzahl der Eingaben,
 $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ ein Vektor der Eingabesignale,
 $W = \{w_1, w_2, \dots, w_n\}$ ein Vektor der jeweiligen Gewichte,
 $\sigma(x) = \max(x, 0)$ die Aktivierungsfunktion:

$$\hat{y} = \sigma(\sum_{i=1}^n x_i \cdot w_i)$$

Formel 2.2: Formel zur Berechnung der Ausgabe 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 [14]. Er bekommt die Signale aus der Eingabeschicht, die er verarbeitet und weiterleitet.

2 Grundlagen

- **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. Das Resultat variiert zwischen einfachen Ja/Nein Aussagen, oder wie wir später kennen lernen werden, auch Wahrscheinlichkeitsverteilungen.

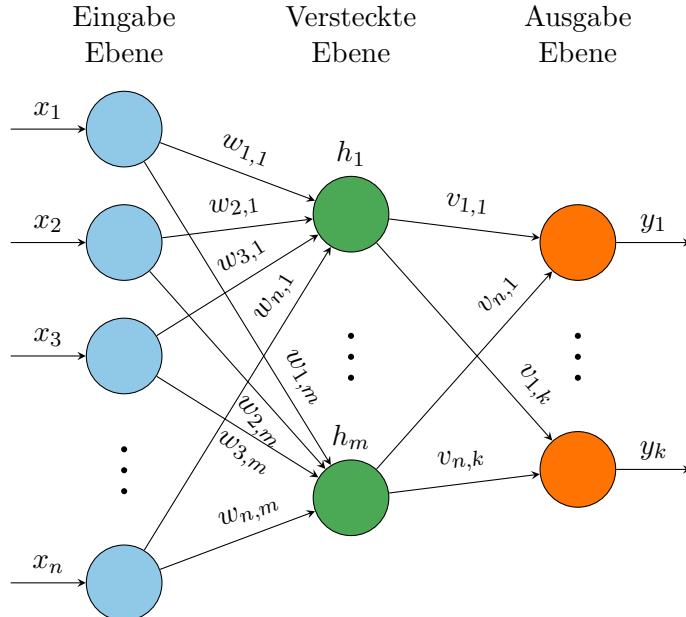


Abbildung 2.3: Skizze von einem vollständig vermaschten künstlichen neuronalem Netz

Neuronen wie in Abbildung 2.3 zusammen zu verknüpfen, nennt sich ein **feedforward** Netzwerk, da es keine Zyklen beinhaltet. Sie besitzen die Einschränkung, dass 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 zu berücksichtigen, gibt es **rekurrente Netze** die direkte Zyklen aufweisen.

LSTM Ebene

Ein spezielles Neuron, aus dem rekurrente Netze bestehen können, ist das **Long Short Term Memory** (LSTM) Neuron [15]. 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 [16]. 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 [17].

Softmax Ebene

Es gibt eine Aktivierungsfunktion der wir besondere Aufmerksamkeit widmen, da sie die Neuronen der Ausgabeschicht zu einem besonders nützlichen Ergebnis zusammenfasst. Die generalisierte logistische Funktion (Formel 2.4), oder auch **normalisierte Exponentialfunktion** nimmt als Argument einen k -dimensionalen Vektor \mathbf{z} von reellen Zahlen und gibt uns diesen wieder normalisiert zurück, das bedeutet dass alle Werte auf den Bereich $[0,1]$ gebracht wurden.

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

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

Formel 2.4: Definition der Softmax Funktion [18]

Wir könnten argumentieren, dass man für die Normalisierung die Exponentialfunktion nicht benutzen muss. Wenn wir aber als Aktivierungsfunktion die **Sigmoid Funktion** (Formel 2.5) und als Kostenfunktion den **logistic loss** oder **cross entropy loss** benutzt, kürzt sich das e beim im Backpropagation Schritt beim partiellen Ableiten weg.

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

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

Formel 2.5: Definition der Sigmoid Funktion

2.2.2 Backpropagation

Um diese Technik zum Trainieren von ANNs 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} sind in Abbildung 2.2 übernommen.

Sei m die Größe des Trainingsets,

$Y = \{y_1, y_2, \dots, y_m\}$ ein Vektor von Soll-Ergebnissen,

$\hat{Y} = \{\hat{y}_1, \hat{y}_2, \dots, \hat{y}_m\}$ ein Vektor von Resultaten des ANNs, dann ist

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

die mittlere quadratische Abweichung.

Formel 2.6: Berechnung des *MSE* Fehlers von einem ANN

Eine der möglichen Kostenfunktionen sieht man in Formel 2.6, die **mittlere quadratische Abweichung** (*mean squared error*, MSE). Je kleiner das Ergebnis dieser Kostenfunktion ist, umso besser kann unser ANN die Ergebnisse nachahmen. Um die Kosten

2 Grundlagen

für eine bestimmte Eingabe zu minimieren, müssen wir herausfinden welche Gewichte aus dem Netz den größten Einfluss hatten und diese entsprechend anpassen.

Anders gesagt, müssen wir den negativen Gradienten der Kostenfunktion entlang wandern. Um ihn zu berechnen, sehen wir in Formel 2.2 und Abbildung 2.3, dass die einzigen Faktoren, die das Ergebnis beeinflussen, die Gewichte (w_1, \dots, w_n) sind, weil die Eingaben (x_1, \dots, x_n) damit multipliziert und aufsummiert werden. Die Aktivierungsfunktion bildet diese Summe lediglich auf ein beschränkte Teilmenge der reellen Zahlen ab.

Um ein Netz für bestimmte Eingaben (x_1, \dots, x_n) zu trainieren, rechnen wir die jeweilige Vorrausfrage $\hat{y} = \sigma(\sum_{i=1}^n w_i \cdot x_i)$ aus und setzen es in die Kostenfunktion ein. Da wir nur ein einziges Ergebnis haben, wird in der Kostenfunktion die Differenz zum Sollergebnis y berechnet und quadriert, $\text{cost}(y, \hat{y}) = (y - \hat{y})^2$.

Wenn der berechnete Fehler zu groß ist, können wir diese Funktion partiell nach dem Gewicht w_i ableiten, um aus dem Gradienten eine **Anpassungsregel** herzuleiten. Wenn wir auf jedes Gewicht diese Regel, die von dieser bestimmten Eingabe abhängig ist, anwenden, wird der Einfluss derart verändert, dass sie den Fehler der Kostenfunktion minimiert.

Sei \hat{y} definiert als Ergebnis des Netzes aus Formel 2.2, dann gilt, pro Beobachtung $\hat{y}_j \in \hat{Y}$ und erwartetes Ergebnis $y_j \in Y$, leiten wir nach dem Gewicht w_i partiell ab:

$$\begin{aligned}\frac{\partial \text{cost}(y_j, \hat{y}_j)}{\partial w_i} &= \frac{\partial}{\partial w_i} (y_j - \hat{y}_j)^2 \\ &= \frac{\partial}{\partial w_i} (y_j - \max(\sum_{i=1}^n x_i \cdot w_i, 0))^2 \\ &= -2 \cdot \frac{\partial}{\partial w_i} \max(\sum_{i=1}^n x_i \cdot w_i, 0) \\ &= \begin{cases} 0 & \text{falls } \sum_{i=1}^n x_i \cdot w_i < 0 \\ -2 \cdot x_i & \text{falls } \sum_{i=1}^n x_i \cdot w_i > 0 \end{cases}\end{aligned}$$

Damit bekommen wir die Anpassungsregel für jedes Gewicht:

$$w_i \leftarrow w_i + \begin{cases} 0 & \text{falls } \sum_{i=1}^n x_i \cdot w_i < 0 \\ -2 \cdot x_i & \text{falls } \sum_{i=1}^n x_i \cdot w_i > 0 \end{cases}$$

Formel 2.7: Beispielhafte Berechnung der Anpassungsregel für w_i nach MSE

Mithilfe der Anpassungsregel aus Formel 2.7, die zum alten Gewicht die partielle Ableitung addiert, können wir jedes Mal, wenn das Ergebnis des ANNs zu stark vom Sollergebnis abweicht, diese Regel auf jedes Gewicht anwenden. Damit werden wir uns immer einem Extrema der Kostenfunktion annähern und diese Methode basiert auf **Fermat's Theorem zu Kritischen Punkten** [19].

Für unser einfaches Beispiel ist es wahrscheinlich, dass nach dem Anpassen der Gewichte unser ANN das spezifisches Sollergebnis besser erreicht. Damit wird der Fehler reduziert und wir können mit der nächsten Eingaben weiter trainieren.

Leider haben wir noch ein paar Feinheiten aus dem Fokus gelassen, die sich den Mantelbegriff **Regularisierung** teilen. Eins der Probleme die Regularisierung löst, passiert wenn unser ANN sich zu stark auf die Trainingsdaten festlegt, aber in der echten Anwendung extreme Abweichungen besitzt. Um das sogenannte **Overfitting** zu verhindern, gibt es verschiedene Techniken, wie die Anpassung der Lernrate, *weight decay, stopped training* oder *noisy data*. Andere Problematiken die bei Backpropagation entstehen und genauere Erklärungen sind im Vorlesungsskript von Machine Learning and Data Mining (2015) von Prof. Dr. Volker Tresp [20] zu finden.

Wenn man auf diese Nuancen achtet, bietet Backpropagation ein extrem mächtiges Instrument, das solange einsetzbar ist, wie das gesamte Netz als Formel dargestellt werden kann, ableitbar ist und damit einen Gradienten liefert, an dem wir entlang optimieren können.

Unglücklicherweise bieten viele Probleme keine Möglichkeit Trainingsdaten zu sammeln, da das erwünschte Ergebnis keine Rückschlüsse auf den Lösungsweg erlaubt. Anders gesagt, die Kostenfunktion hat keinen Gradienten, den wir verfolgen können.

In der Anwendung in der Fußballdomäne aus Kapitel 3.1 ist das erwünschte Ergebnis ein Tor, dabei gibt es uns keine Aussage über die notwendigen Schritte. Dieses Fitnesssignal ist so zustandsunabhängig, dass wir nicht einmal wissen, wie viele Spieler auf dem Feld stehen, oder ob sie zusammen spielen. Deshalb nutzen wir diese Trainingsmethode lediglich als vergleichendes Beispiel, um eine alternative Methode vorzuschlagen, die trotz dieser Einschränkung lernende Merkmale aufzeigt (Abbildung 4.6).

2.2.3 Verbindung mit genetischen Algorithmen

Wenn wir nun zum Trainieren von ANNs einen genetischen Algorithmus benutzen wollen, müssen wir das Netz als Liste von Gewichten kodieren, aus denen es besteht. Ein Beispiel dafür bietet der **GENITOR** [21] Algorithmus (1998). Dabei werden die einzelnen Gewichte, der Kreuzung und einer speziellen Mutation ausgesetzt, die von der Varianz der Gesamtpopulation abhängt.

Ein weiterer Ansatz ist **SANE** [21] (1999), der gesamte Neuronen für die *Hidden Ebene* entwickelt und gleichzeitig die Netztopologie verändert. Damit versucht es sich an die Komplexität der Aufgabe anzupassen.

Problematischerweise 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 Kosinustransformation

Eine Technik zum reduzieren des Suchraums ist die diskrete Kosinustransformation (*discrete cosine transform, DCT*), die zur Familie der Fourier-Transformationen gehört. Eine **Fourier-Transformation** teilt ein Signal in beliebig viele trigonometrische Funktionen (Sinus oder Kosinus) auf und über die Summe dieser Funktionen kann jedes Signal beschrieben werden.

Diese Fourier-Transformation liefert uns ein diskretes Frequenzspektrum, das in Form von Koeffizienten dargestellt wird. Dabei wird pro kodierten 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 gut genug, sodass wir keinen Unterschied merken. Eine sehr ähnliche Kompressionsmethode wird bei dem Bildformat JPEG [22] oder dem Videoformat MPEG [23] 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 Abbildung 2.11 sichtbaren Genauigkeitsverlust halbiert haben.

Bei größeren Verhältnissen bemerken wir eine starke örtliche Korrelation (Abbildung 3.5) 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 Literatur für die Anwendung in der Neuroevolution [5].

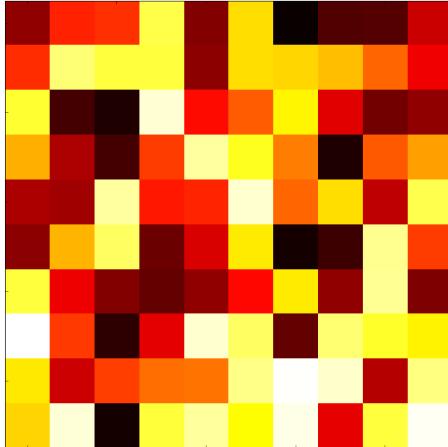


Abbildung 2.10: Unkomprimiert

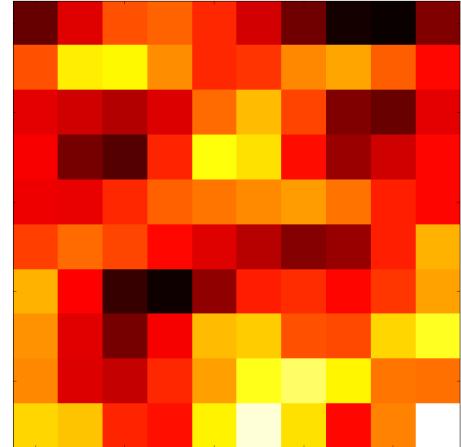


Abbildung 2.11: Komprimiert (1:2)

2.4 Cooperative Synapse 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 Verknüpfung zu einem mächtigen Werkzeug das viele interessante Eigenschaften besitzt. Dieser Algorithmus wird Kooperative Synapsen Neuroevolution (**Cooperative Synapse Neuroevolution**) [24], oder auch **CoSyNE** genannt.

Er zeichnet sich dadurch aus, dass er durch eine spezielle genetische Methode und aggressiver Mutation den Suchraum der Gewichte für ein neuronales Netz schnell einschränkt. In Verknüpfung mit der DCT Kompression, hat er ein rekurrentes neuronales Netz für das Rennspiel **TORCS** [25] erstellt, wo der Algorithmus 993 Gewichte in 33 DCT Koeffizienten kodiert (*Faktor 1:30*). Dabei hat er lediglich durch die Bilddaten ähnlich gute Ergebnisse geliefert, 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 rauszukommen. Um dieses Problem anzugehen, versucht man die Stellschrauben wie Mutationswahrscheinlichkeit oder Kinderanzahl per Hand zu verändern [26]. 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

Stellen wir uns die Population als zweidimensionale Liste vor, wo jedes Individuum eine eigene Liste mit seinen spezifischen Eigenschaften ist (Tabelle 2.9). Dann können wir die Population transponieren, wobei nun jeder Eigenschaftsraum eine eigene Liste ist. Danach vermischen wir innerhalb der Eigenschaftsräume zufällig und transponieren wieder zurück, um die neuen Individuen zu bekommen (Tabelle 2.10). 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]
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 (Tabelle 2.9) erhalten bleiben) und wir vollkommen Neue bekommen (Tabelle 2.10. Der Sinn hinter dem Vermischen in der Eigenschaftsebene basiert auf der **Verknüpfung mit der Kreuzungsme-thode**. Wenn wir zwei Individuen kreuzen, werden ihre Kinder die gesamte Information von ihren Eltern in die Population übernehmen. Da CoSyNE den Repopulationsschritt nicht ausführt, dafür aber alle restlichen Individuen wegwerft, werden nur die Eigenschaf-

2 Grundlagen

ten der Kinder übrig bleiben.

Das führt zur Homogenität in den einzelnen Eigenschaftenräumen, die zum Beispiel dafür verantwortlich sind, 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 [24].

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][24][25].

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 [27]. 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 [20].

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**) [28].

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.

Formel 2.12: Definition der Wahrscheinlichkeitsdichtefunktion der Normalverteilung

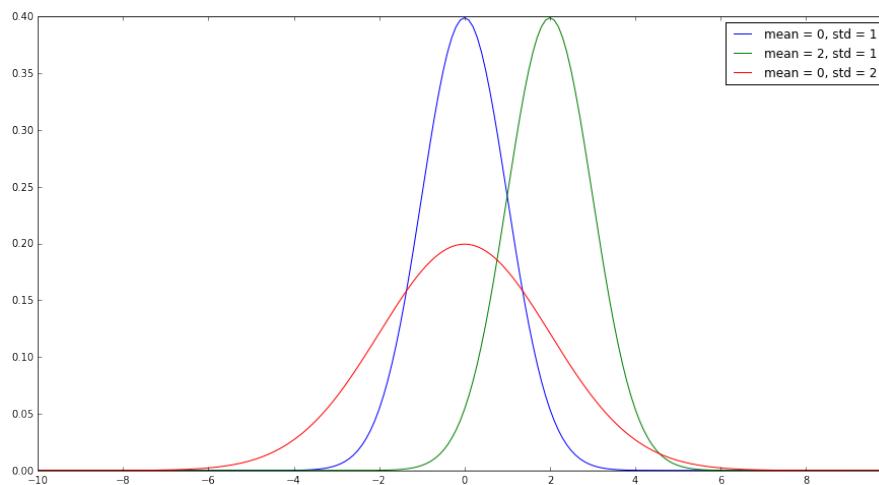


Abbildung 2.13: Dichtefunktionen von Normalverteilungen

2 Grundlagen

Die Abbildung 2.13 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 das Integral zwischen den Grenzen der Dichtefunktion:

$$P(a \leq \mathcal{X} \leq b) = \int_a^b \mathcal{N}(\mu, \sigma^2) \quad (2.1)$$

Diese Formel veranschaulichen wir an dem Beispiel von Regenfall pro Quadratmeter in Abbildung 2.14.

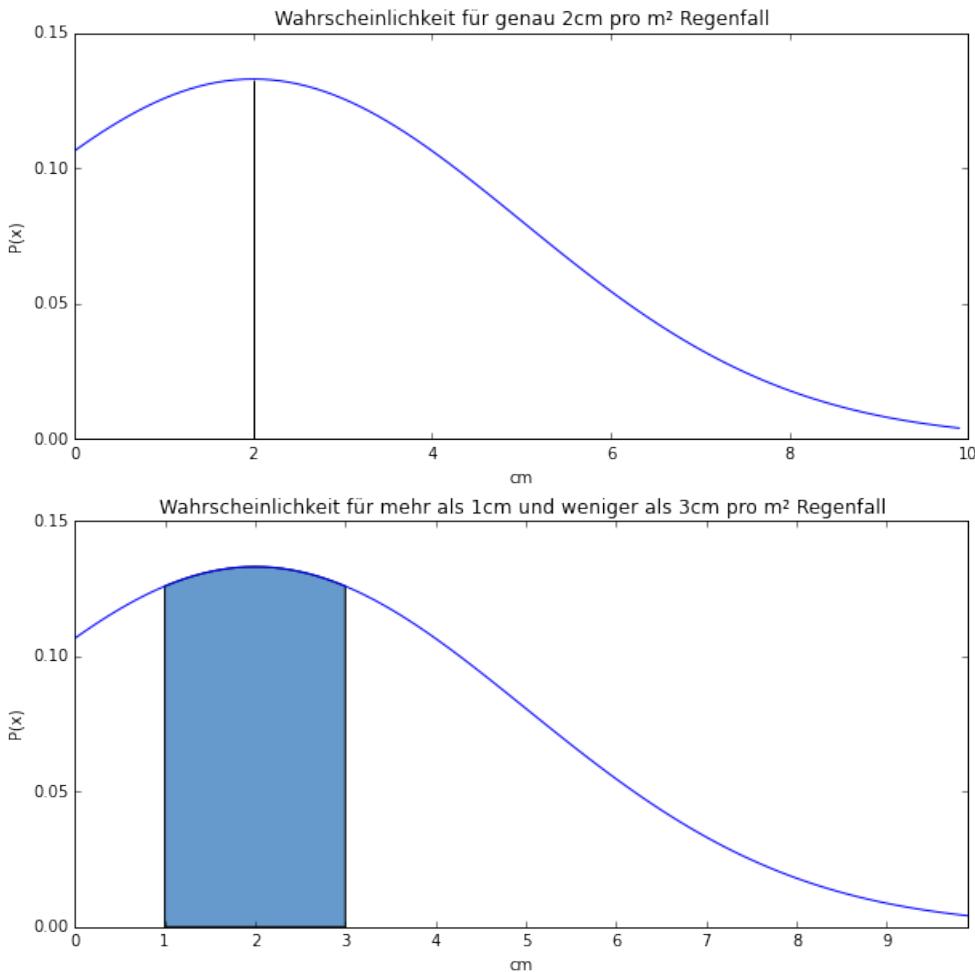


Abbildung 2.14: Beispielhafte Dichtefunktion für Regenfall pro m^2

Die Wahrscheinlichkeit, dass pro Quadratmeter *genau* 2 cm 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 1 cm und 3 cm Regenwasser fällt ist eine viel wertvollere Aussage und ist als Integral zwischen den Grenzen der Dichtefunktion definiert.

2.5.2 Kodierung durch Normalverteilungen

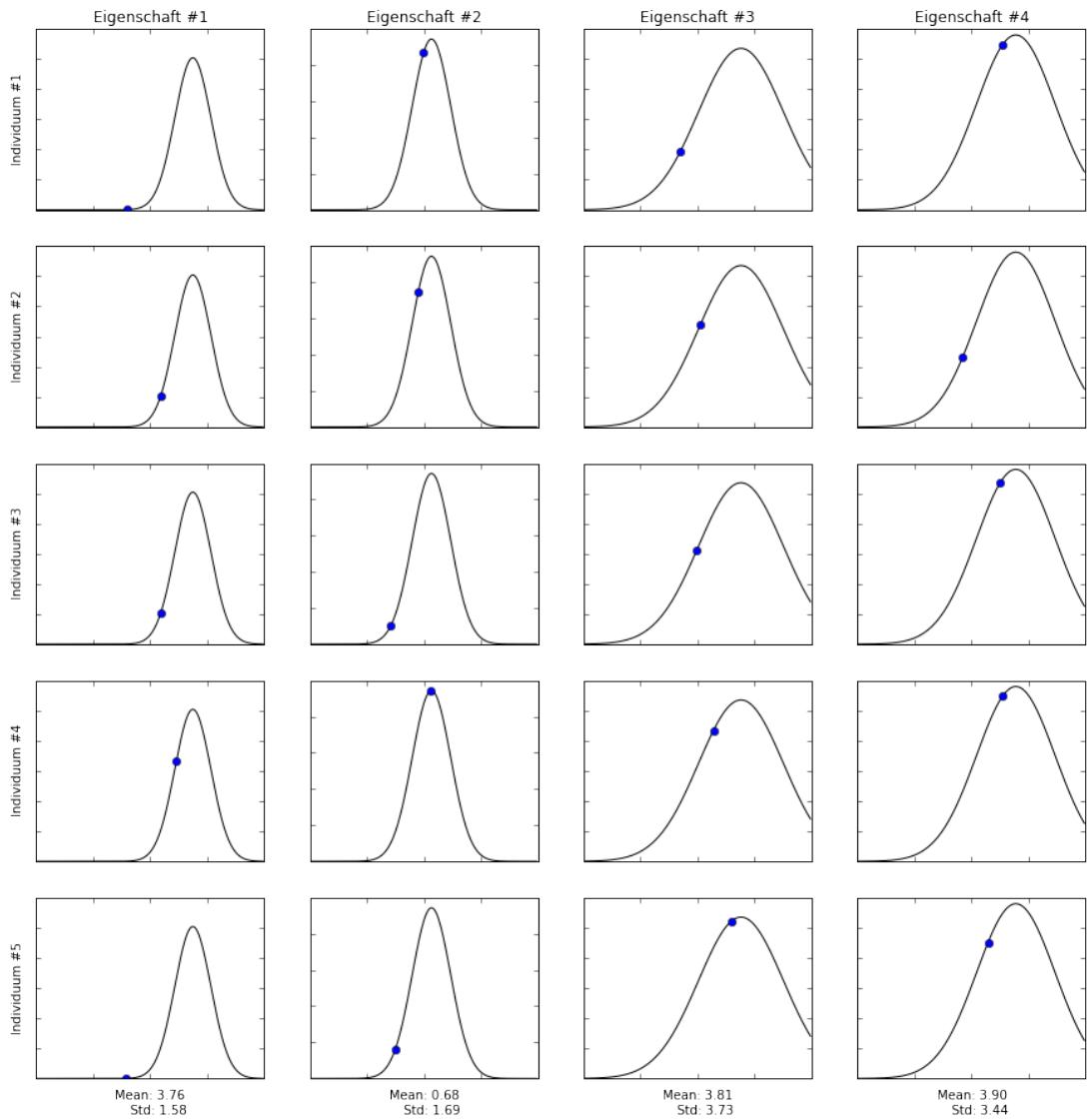


Abbildung 2.15: Kodierung der Eigenschaften durch Normalverteilungen

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 Standardabweichung. Die Abbildung (2.15) zeigt dies beispielhaft für fünf Individuen mit jeweils 4 Eigenschaften dar.

2 Grundlagen

Wenn wir Individuen erstellen wollen, müssen wir aus jeder Normalverteilung eine Stichprobe nehmen (sampeln), die wir als Punkte entlang der Graphen in 2.15 eingezeichnet haben. 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 einzugrenzen.

Der Ablauf der Cross Entropy Method sieht daher folgendermaßen aus [29]:

Sei d die Anzahl der Eigenschaften,
 n die Anzahl der Individuen,
 μ, σ jeweils ein Vektor der Form \mathbb{R}^d ,
dann führen wir pro Iteration die folgenden Schritte durch:

1. Wir nehmen n Stichproben θ_i aus $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$
2. Evaluiere $\theta_i, i \in [1..n]$ in der Simulation
3. Wähle die besten $p\%$ Prozent der Stichproben, wir nennen sie Eliteset
4. Berechne aus dem Eliteset neue μ und σ

Eine viel detaillierte Erklärung zu diesem Thema findet sich am Beispiel von Tetris im dem Paper von István Szita [27].

3 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 ein Wettbewerb unter dem Namen **Robot J-League** gestartet. Der Name stammt von einer professionellen japanischen Fußball Liga [30].

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 betreibt derzeit sechs große Wettbewerbe, die sich jeweils wieder in Ligen und Subligen aufteilen lassen. Darunter fällt **RoboCup Soccer** (Abbildung 3.1), **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 3.2).

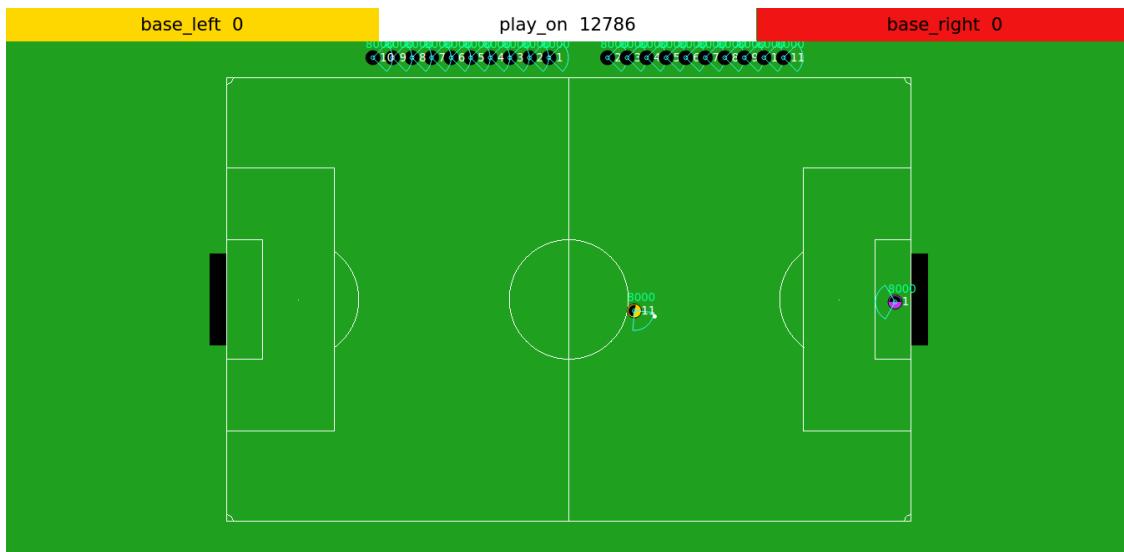


Abbildung 3.1: Screenshot von dem gesamten Spielfeld von RoboCup2D

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 trotzdem noch eine Wiederverwendbarkeit der Agenten, wenn eine vollständige Mannschaft aufgebaut wird.

In unserer Implementierung haben wir lediglich ein 1vs1 Szenario, also einen Angreifer gegen einen Torwart. Die Modellierung erlaubt dennoch eine nahtlose Skalierung auf ein 4vs4 Szenario, sodass weitere Parametrisierung ohne viel Aufwand ausprobiert werden können.

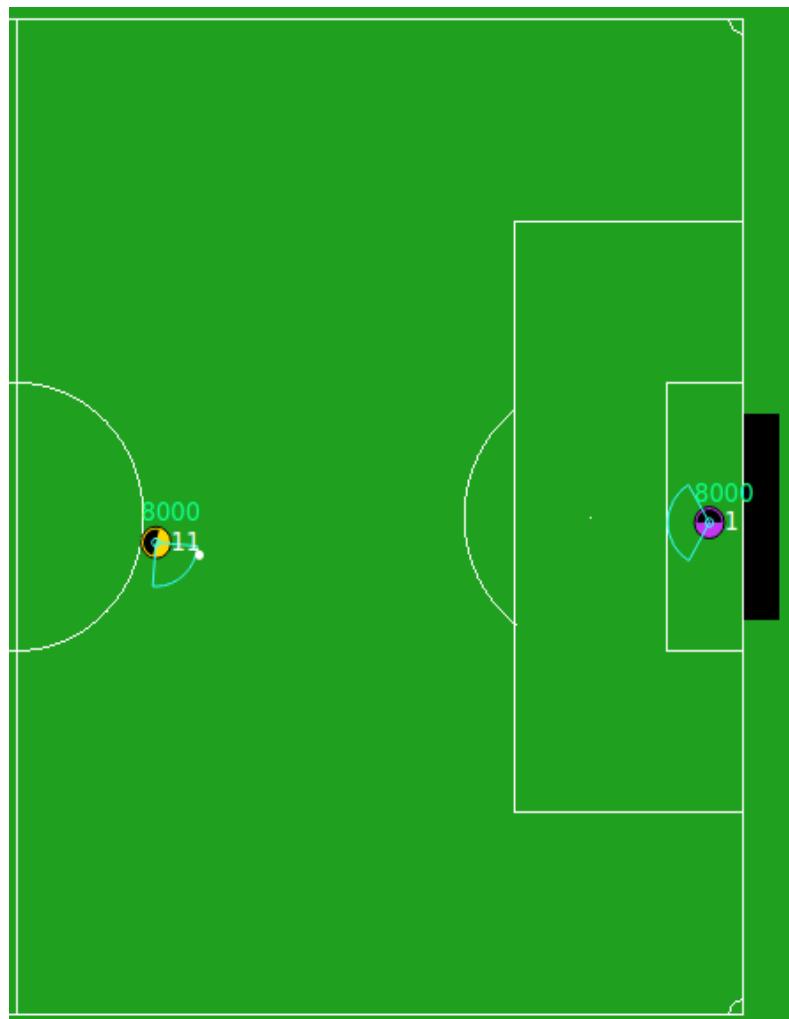


Abbildung 3.2: Screenshot von dem Spielfeld für den Subtask HFO

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 liegt 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:

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

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 Eigenschaften 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	Winkel	Boole'sch	Lage	Anderes
x-Koordinaten				
y-Koordinaten				
Sichrichtung				
Nähe zum Ball				
Winkel zum Ball				
Kann eine Ballaktion ausgeführt werden				
Winkel zum Mittelpunkt des Tors				
Größte offene Winkel zwischen Torwart und Torpfosten				

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

Winkelkodierung

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

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

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

Boole'sche Kodierung

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

¹Formel laut dem E-Mail-Verkehr mit dem Entwickler

Lagekodierung

Die Lagekodierung ist auf der maximale diagonale Länge des Spielfelds normalisiert, 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 $\sqrt{2^2 + 2^2} = 2.82$. Die Formeln zum Umrechnen dafür sind:

Sei $f : [-max_L, max_L] \rightarrow [-1, +1]$ die Kodierungsfunktion
 $g : [-1, +1] \rightarrow [-max_L, max_L]$, die inverse Dekodierungsfunktion:

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

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.

3.1.2 Aktionsraum

Es gibt 8 parametrisierte und 6 nicht parametrisierte Aktionen. Wir haben die Algorithmen auf 5 der Aktionen trainiert, die nicht parametrisiert sind. Die Aktion *CATCH* ist für Angreifer illegal und wurde deshalb weggelassen. Die folgende Aufzählung beschreibt alle Aktionen aus der Literatur [6]:

Parametrisierte	Nicht parametrisierte
<ul style="list-style-type: none"> • 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) • Pass(playernumber) 	<ul style="list-style-type: none"> • Move • Shoot • Dribble • Intercept • Catch • No-Op

Aktion: Move

Move repositioniert den Agenten nach der vorprogrammierten Strategie von *Agent2D* und funktioniert nur dann, wenn der Spieler den Ball nicht hat.

Aktion: Shoot

Diese Aktion versucht den Ball mit der besten Parametern für die Aktion *Kick_To* aufzurufen, sodass ein Tor geschossen wird.

Aktion: Dribble

Der Agent benutzt kurze *Kick_To* und *Move* Sequenzen um in die Nähe des Tores zu laufen.

Aktion: Intercept

Der Agent versucht in die Nähe des Balls zu laufen indem er die Geschwindigkeit vom Ball in Betracht zieht. Diese Aktion ist effektiver als *Move*.

Aktion: No-Op

Wenn diese Aktion gewählt wird, macht der Agent nichts.

Abfrage der Aktionen

Jedes Spiel hatte eine maximale Laufzeit die in Frames aufgeteilt wird und jeder Agent wird pro Frame gefragt, welche Aktion er ausführen will. Wenn über längere Zeit keine Antwort von dem Agenten kommt, wird automatisch die No-Op Aktion ausgeführt.

3.1.3 Einschränkungen

Die Domäne HFO hat besondere Einschränkungen, die sie zu einem schwierigen Problem machen. Zum einen haben wir keine Möglichkeit im Voraus herauszufinden, wie gut eine Aktion für einen bestimmten Zustand war, da das Framework diese Funktionalität nicht unterstützt. Stattdessen müssen wir uns auf das Resultat der Simulation verlassen, das uns lediglich am Ende sagt, ob ein Tor geschossen wurde.

Zum anderen ist ein Spiel eine Abfolge von mehreren hundert Aktionen, die alle gemeinsam bewertet werden und deshalb ist es unmöglich eine Fragmentierung in Teilziele zu schaffen. Zusätzlich zum spärlichen Signal, ob wir ein Tor geschossen haben, kommt der kontinuierliche 9-dimensionale Zustandsraum, den wir mit normalverteiltem Rauschen empfangen.

Daher ist unsere Annahme, wenn unter den Bedingungen von diesem extremen Setting die Algorithmen Erfolge erzielen können, werden sie ähnliche oder bessere Performanz bei einfacheren Aufgaben zeigen. Hinzu kommt das große Anwendungsgebiet, weil wir minimale Anforderungen an das Problem stellen, das uns lediglich ein seltenes Fitnessignal ohne Gradienten zur Verfügung stellen muss.

Eine Beispieldomäne wäre eine Fabrik, die von autonomen Robotern bedient wird und als Auftrag bekommt, einen bestimmten Durchsatz zu erzeugen. Dabei haben die Roboter keinerlei Wissen über die Lage oder Ausstattung der Fabrik und besitzen nur einfache Sichtsensoren.

3.2 Implementierung der Algorithmen

In diesem Abschnitt schauen wir uns die Parametrisierung der Algorithmen und den Aufbau der Simulation genauer an. Dafür wurden die folgenden drei Programme entwickelt:

Simulationsserver

Der Simulationsserver ist in C++ geschrieben und wurde 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 vom HFO Framework [6] dar. Diese Prozesse werden mit Kommandozeilenparametern gesteuert, die bestimmen welcher Spieler sie sind und wie sie die Kodierung des ANNs benutzen, um das Netz zu befüllen.

Koordinator

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

Rahmenbedingungen für die Simulation

Jede Simulation bestand aus 300 Generationen und jedes Team hat pro Generation 25 Spiele gespielt. Ein Spiel (Episode) war maximal 500 Sekunden lang und wenn der Ball 50 Sekunden lang nicht berührt wurde, zählt das Spiel als verloren. Die Algorithmen die Selektion und Mutation unterstützen, wurden mit folgenden Parametern gestartet:

Generationen	300
Populationsgröße	50
Teamepisoden	25
Episodenzeit	500s
Ball nicht berührt	50s
Selektion α	25%
Mutation β	10%

3.2.1 Wahrscheinlichkeitsverteilung von Aktionen

Der erste Algorithmus hat als Kodierung der Individuen eine diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilung über 5 Aktionen benutzt. Wir nennen diesen Algorithmus im Folgenden **WvA**. Wenn der Agent gestartet wurde, sampt er jeden Zeitschritt ohne Wissen über jeglichen Zustand aus dieser Verteilung raus.

Kodierung

Die Kodierung besteht aus den 5 Aktionen aus Kapitel 3.1.2, für die wir ihre jeweilige Wahrscheinlichkeit als Zahl kodieren. Sie ist muss die Regeln aus Lemma 3.3 für eine diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilung einhalten.

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

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

Lemma 3.3: Regeln für die Wahrscheinlichkeitsverteilung der Aktionen

Generierung der Individuen

Für die Generierung von einer Wahrscheinlichkeitsverteilung über n Aktionen werden $n - 1$ zufällige Zahlen erstellt, sortiert und es wird 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]
```

Um die Verteilung zu erstellen werden die Zahlen dupliziert, um ein Element nach rechts verschoben und nach dem Index 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 (-) l2 l1
11 [15, 23, 17, 32, 13]
```

3 RoboCup2D

```
12 | > sum it  
13 | 100
```

Damit haben wir eine Wahrscheinlichkeitsverteilung über 5 Aktionen und können uns sicher sein, dass sie aufsummiert immer 100 ergibt.

Kreuzung Version 1

Wir haben zwei verschiedene Kreuzungsmethoden ausprobiert, die während der Entwicklung als austauschbar bewertet wurden. Die erste Methode wurde mit den Listen umgesetzt, aus denen sie generiert wurden (die jeweils die 0 und 100 angehängt bekommen haben). 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]
```

Kreuzung Version 2

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

Seien \mathcal{A}, \mathcal{B} diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilungen, $l = |\mathcal{A}|$, $i \in \{1 \dots l\}$:

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

dann ist \mathcal{C} ist ihre Verknüpfung.

Definition 3.4: Kreuzungsmethode 2 für Wahrscheinlichkeitsverteilungen

Mutation

Die Mutation wurde auch auf zwei verschiedene Weisen umgesetzt. Im Kern ist jedoch die Funktion die das δ benutzt und es mit zufälligen Vorzeichen in die Anzahl der Aktionen n 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  
4 | > splitDelta delta 4  
5 | [-25, +25, +25, -25]
```

Mutation Version 1

Wir teilen das δ in $n - 1$ Teile auf, fügen eine 0 von vorne und 100 von hinten hinzu und addieren sie zu der Generatorliste der Verteilung. Diesmal müssen wir jedoch die Zahlen per Hand auf den Bereich von 0 – 100 begrenzen.

```

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.

Mutation Version 2

Für die zweite Variante der Mutation spalten wir das δ in n Teile, summieren sie elementweise mit der Verteilung, überprüfen auf die Grenzen von $[0, 100]$ und normalisieren sie wie in Definition 3.4.

```

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 die mutierte Wahrscheinlichkeitsverteilung zurück.

3.2.2 Agentenstrategien als ANN mit DCT

Für alle folgenden Algorithmen haben wir ein neuronales Netz mit 9 Eingaben, 12 LSTM (Kapitel 2.2.1) Neuronen und 5 Dense Ausgaben benutzt, wo ein Softmax (Kapitel 2.2.1) darübergelegt wurde. Damit wird der Zustand aus Kapitel 3.1.1 dem Netz gegeben und er gibt uns eine Wahrscheinlichkeitsverteilung über 5 Aktionen (Kapitel 3.1.2) zurück.

Wenn der Agent spielt, wird jedes Frame der aktuelle, verrauschte Zustand dem Netz gegeben und wir samplen aus der Wahrscheinlichkeitsverteilung die Aktion raus, die ausgeführt wird.

Das ANN besitzt 1108 Gewichte und wir reduzieren es mithilfe von DCT (Kapitel 2.3) auf 20 Koeffizienten, was eine Komprimierungsverhältnis von 1:55 ist. Die Abbildung 3.5 zeigt diese Kompressionsrate beispielhaft für normalverteilte Daten $\mathcal{X} \sim \mathcal{N}(\mu = 1, \sigma = 10)$.

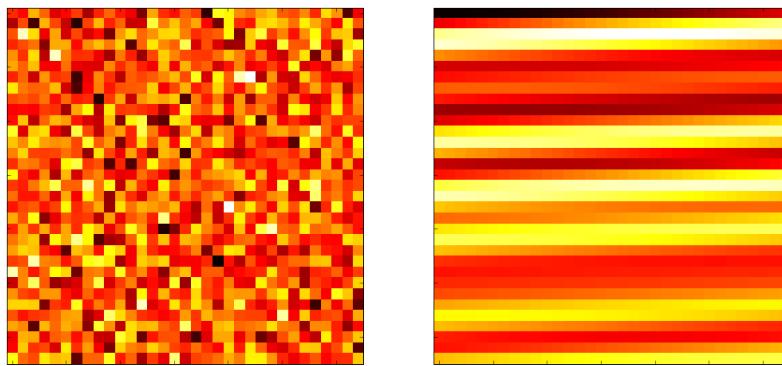


Abbildung 3.5: Kompressionsrate 1:55 mit DCT

Man erkennt eine extreme Korrelation zwischen benachbarten Gewichten die der Reihe nach das ANN befüllt haben. Die folgenden drei Algorithmen benutzen diese Zustandskompression:

- **Cross Entropy** (Kapitel 2.5)

Hier haben wir die 20 Koeffizienten als Normalverteilung kodiert, 25% der Population als Eltern gewählt und die restlichen 75% aus den neu berechneten Normalverteilungen der Eltern gesampt. Die initialen Grenzen zum Erstellen der Normalverteilung waren $\mu = 0$ und $\sigma \in [-1.5, 1.5]$.

- **Neuroevolution** (Kapitel 2.2)

Bei der naiven Neuroevolution hat jedes Individuum die 20 Koeffizienten als Zahlen gespeichert. 25% der Population wurden als Eltern gewählt die 50% Kinder erzeugen und die restlichen 25% wurden völlig neu erstellt. Die Grenzen zur Erstellung der Koeffizienten war $c \in [-3, 3]$.

- **CoSyNE** (Kapitel 2.4)

Der CoSyNE Algorithmus benutzt die gleichen Ablauf wie die naive Neuroevolution, mit der Ausnahme, dass er statt neue Individuen zu erstellen, genug Kinder erstellt und dann die gesamte Population in den Eigenschaftsräumen zufällig vermischt.

4 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 1108 Gewichten auf 20 Koeffizienten reduziert, welches einer Kompressionsrate 1:55 entspricht. Die Simulationen wurden auf einem Laptop mit einem Intel i5 mit Dual Core 2.9 GHz und 4 GB 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. Wir haben sie wie folgt quantifiziert:

Sei F_{Training} die trainierte Fitness,
 F_{Test} die neu getestete Fitness, dann ist der Fehler definiert als:

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

Definition 4.1: Berechnung des Fehlers für ein Individuum

Je kleiner die Abweichung zwischen dem Training und dem Test, umso kleiner ist der Fehler und daher können wir schließen, dass das Individuum sicherer seine versprochene Leistung bringt.

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

Der stabilste und erfolgreichste Algorithmus ist die naive Neuroevolution mit einer durchschnittlichen Gewinnrate von **42%** im Training und **20%** im Test. Auf Platz 2 kam Co-SyNE mit 37% im Training und 12% im Test. Cross Entropy und WvA haben zwar beide im Training 30% erreicht, aber im Test nur knapp 6% und sind damit extrem instabil.

4.1 WvA

Die Wahrscheinlichkeitsverteilung war der erste 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%

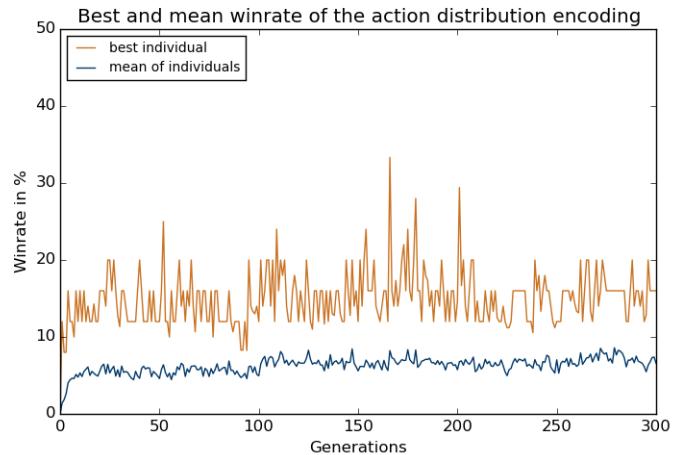


Abbildung 4.2: Fitness Graph für WvA

Die gesamte Population ist zu dem Ergebnis konvergiert, dass jede Aktion gleich wahrscheinlich ist, bis auf *Shoot*. Die Schussaktion hat wahrscheinlich zu oft den Ball ins Aus befördert, was sofort das Spiel als verloren wertet.

Die maximale erreichte Fitness nach 375000 Spielen beträgt **33%** und schwankt aber eher im Bereich von [15, 25]. Leider stellt sich heraus, dass die besten Agenten in den Tests extrem schlecht abschneiden und nichtmal in 6% der Fälle ein Tor schießen. Damit haben sie den größten berechneten Fehler und können die trainierten Ergebnisse am schlechtesten replizieren.

	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 4.1: Stabilität der besten 5 Individuen

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



Abbildung 4.3: Illustration eines Torversuchs für einen der Top 5 Agenten von WvA

In Abbildung 4.3 sehen wir einen vielversprechenden Torversuch von dem Individuum. Leider läuft er einfach nur in den Torwart rein und ihm wird sein Ball abgenommen. Es passiert auch sehr oft, dass er vor dem Tor stehen bleibt, oder einfach nur wild um sich herumschießt, egal in welcher Position er steht. Die Werte aus der Tabelle 4.1 konnten wir beim den manuellen Simulationen nur bestätigen, da wir über 50 Spiele anschauen mussten um ein Tor zu sehen.

4.2 Cross Entropy

Die Cross Entropy Methode hat nach der statistischen Analyse keine besonders unterschiedliche Werte produziert, da sie durchschnittlich eine 2% bessere Fitness hat und die Stabilität um 1% besser ist, als der WaV Algorithmus.

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

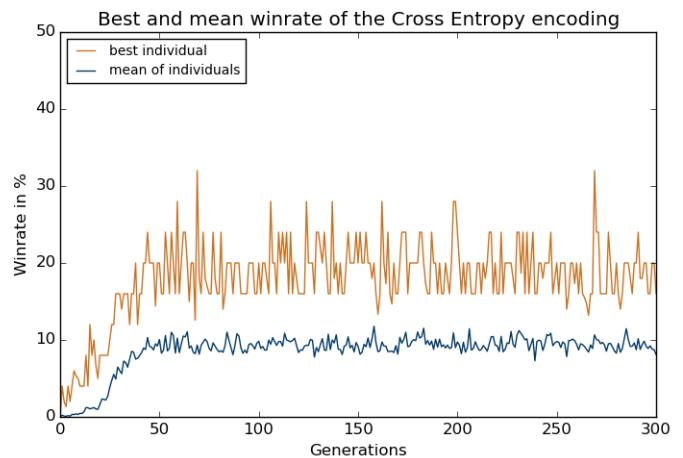


Abbildung 4.4: Fitness Graph für Cross Entropy

	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 4.2: Stabilität der besten 5 Cross Entropy Individuen

Von den Werten sieht man kaum einen Unterschied zu dem WvA Algorithmus, 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, oder nicht. Das führt dazu dass er öfter ins Aus schießt, es ist aber wesentlich interessanter anzuschauen, da er jedes Spiel unberechenbar ist.

Es ist zu beachten, dass dieser Algorithmus die **schnellste Lernkurve** von den drei Algorithmen hatte, die im komprimierten DCT Suchraum arbeiten.

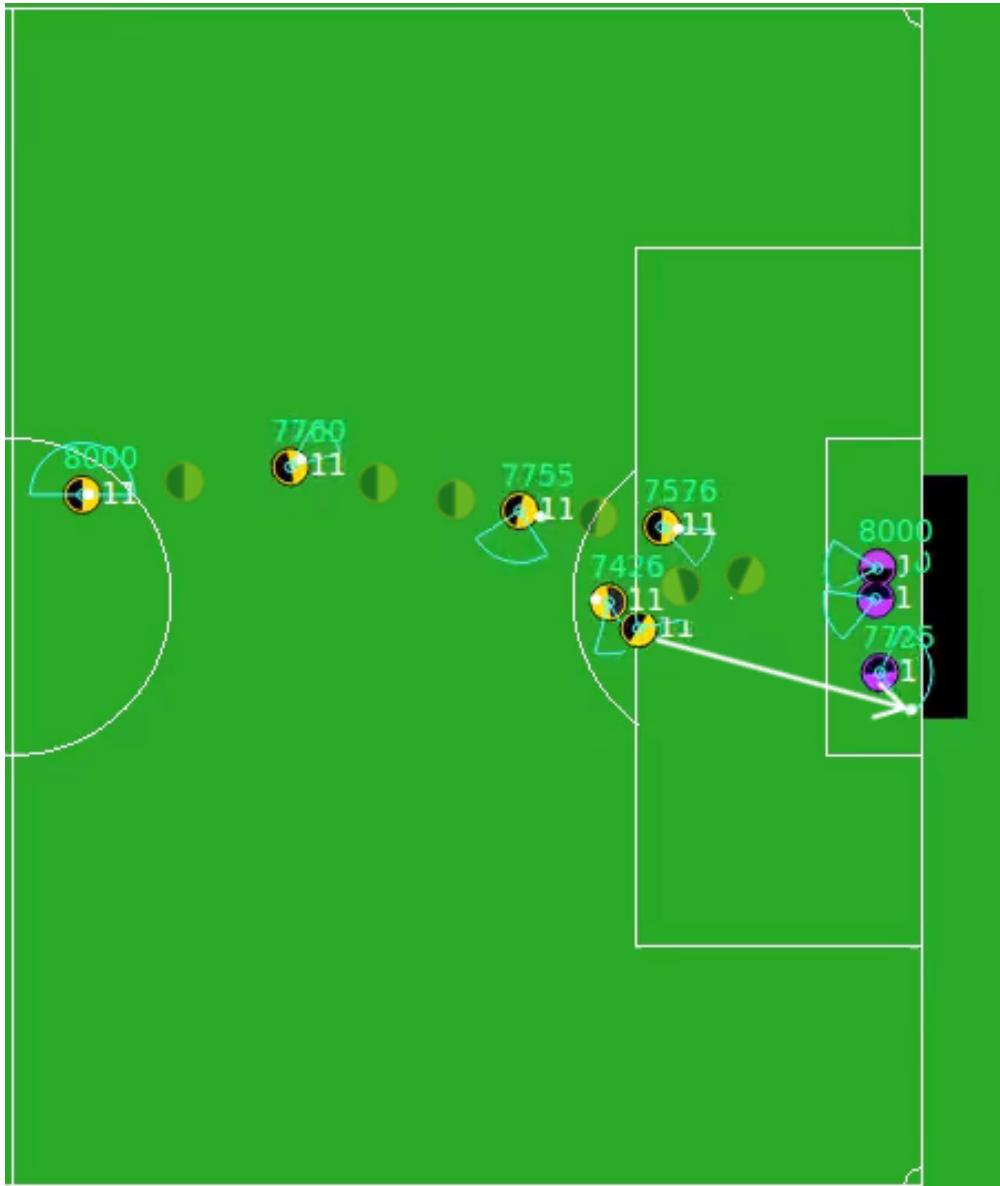


Abbildung 4.5: Illustration eines Torversuchs für einen der Top 5 Agenten der Cross Entropy Method

In dem Torversuch aus Abbildung 4.5 sehen wir das erste “Manöver” von allen Algorithmen, wo der Agent zuerst bis zu dem Strafraum läuft und den Ball wieder in Richtung Mittelfeld schießt. Danach er läuft ihm hinterher und schießt von der Strafraumlinie ein Tor in die rechte Ecke. Diese Methodik ist jedoch nicht repräsentativ, da der Agent oft versucht Tore ausserhalb des Strafraums zu schießen die oft ins Aus gehen. Er unterscheidet sich stark vom WaV Agenten, da er nicht so oft vor dem Tor stehen bleibt und riskante Schüsse probiert, auch wenn sie daneben gehen.

4.3 Neuroevolution

Der Ansatz die DCT Koeffizienten als Zahlen darzustellen führte 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.

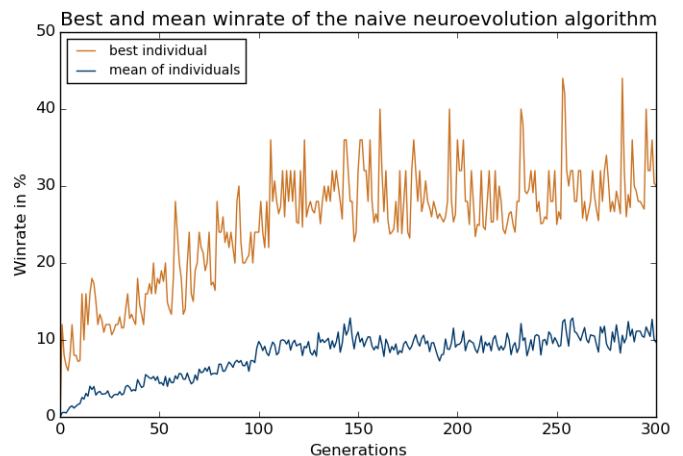


Abbildung 4.6: Fitness Graph für Cross Entropy

	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 4.3: Stabilität der besten 5 Individuen

Die stabile Fitness ist bei knapp 20% und damit gewinnen diese Individuen durchschnittliche jedes fünfte Spiel. Hier haben wir bereits starke Anzeichen für eine Taktik gesehen. Der Agent rennt von Anfang an zum Tor, bleibt kurz vor dem Strafraum stehen und pendelt von Ecke zu Ecke bis der Torwart weiter rausgeht um ein Tor zu schießen.

Wenn der Agent verliert, schießt er sich entweder sofort zum Beginn des Spiels ins Aus, oder er ist zu nah am Tor, sodass ihm der Ball abgenommen wird. Die Tendenz am Ende des Graphen deutet darauf hin, dass bei längeren Laufzeiten noch bessere Ergebnisse möglich wären.



Abbildung 4.7: Illustration eines Torversuchs für einen der Top 5 Agenten des Neuroevolution Algorithmus

In Abbildung 4.7 sehen wir die bisher interessanteste Bewegung, da der Agent versucht sich zuerst in die untere Ecke zu positionieren, dabei den Torwart etwas rauslockt, um dann haarfein das Tor zu schießen. Diese Taktik ist die ausgereifteste, da sie die Reaktion des Torwarts, der Abhängigkeit des größten offenen Winkels zum Tor und der damit in Beziehung stehende Torchancen in Betracht zieht. Aus anderen Simulationen haben wir auch Tore außerhalb des Strafraums fallen sehen, was bedeutet, dass der Agent nicht nur eine einzelne Gewinnstrategie verfolgt.

4.4 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.

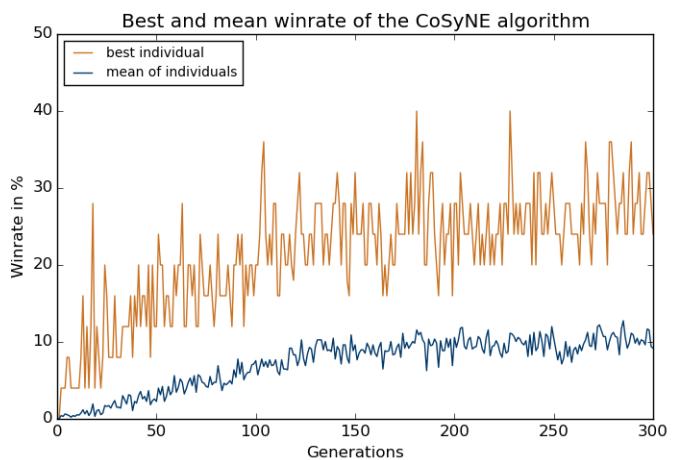


Abbildung 4.8: Fitness Graph für Cross Entropy

	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 4.4: 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 bei der Neuroevolution 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 ins Aus am Anfang des Spiels tritt hier häufiger auf als bei der Neuroevolution.

Eine interessante Eigenschaft von CoSyNE ist das stufenartige Entwickeln der Fitness die ab bestimmten Generationen nie wieder schlechter wird. Diese Eigenschaft wirft viele Fragen über die Sicherheit des Entwicklungsprozesses auf, die wir nicht näher untersucht haben. Es ist interessant, dass diese Besonderheit bisher nicht in der Literatur angesprochen wurde.



Abbildung 4.9: Illustration eines Torversuchs für einen der Top 5 Agenten des CoSyNE Algorithmus

In Abbildung 4.9 sehen wir den Torversuch von einem CoSyNE Agenten. Darin kann man den Unterschied zu dem Neuroevolutionsansatz, der sich in den manuellen Simulationen sichtbar macht, erahnen. Der Agent bleibt oft in dem Strafraum stehen und kommt aus diesem Zustand nicht mehr raus. Ansonsten sehen wir ein ähnliches Ergebnis wie bei der Neuroevolution, da der Trick mit dem Rausspielen des Torwarts hier angewendet wird, um einen besseren Schusswinkel zu bekommen.

4.5 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 4.5: Alle Algorithmen gegenübergestellt

Neuroevolution gewinnt eindeutig in allen getesteten Merkmalen und hat während den manuellen Simulationen subjektiv den raffinieritesten Eindruck gemacht. Wir sehen, dass die Aggressivität bei der Cross-Entropy Method zwar interessante Züge macht, jedoch nicht tauglich für den Einsatz auf dem echten Spielfeld ist.

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.

5 Diskussion

In diesem Kapitel studieren wir uns die Ergebnisse aus dem Vergleich zwischen den verschiedenen Algorithmen und deren Einschränkungen, erwägen den potenziellen Nutzen für ähnliche Probleme und stellen Verbesserungsvorschläge dar. Das Schlusswort umfasst verwandte Felder, die im Bezug zu unseren Algorithmen stehen.

5.1 Anwendungsmöglichkeiten

Unsere Aufgabe hat Einschränkungen, die für viele Probleme aus der realen Welt zu treffen, wie seltene Fitnesssignale, kontinuierliche und verrauschte Zustandsräume, sowie aufeinander aufbauende Aktionsketten. Daher glauben wir dass die Anwendungsgebiete, wie autonomes Verhalten voneinander abhängigen Robotern, selbstfahrende Autos oder das Entdecken von neuen Lösungswegen mithilfe von simplen Fitnessfunktionen, mit diesen Techniken weitergebracht werden kann.

Vor allem war es interessant zu sehen, dass ANNs entwickelt werden können, die lediglich aus 20 Koeffizienten bestehen, extrem korellierte Gewichte produzieren und trotzdem erfolgreich sind. Ohne die Tests könnte man aus Abbildung 3.5 ableiten, dass es extrem unwahrscheinlich ist, dass das befüllte Netz in irgendeiner Art Nutzen bringt. Deshalb können wir die Annahme, dass Gewichte in neuronalen Netzen zueinander korelliert sind, bestätigen [5]. Es wäre vergleichsweise interessant zu schauen, ob bei Netzen die viel größer sind, ähnliche Ergebnisse möglich sind.

CoSyNE wirft mit der treppenförmigen Fitnesskurve die Idee auf, ob eine stetige Verbesserung, oder explizit keine Verschlechterung als Garantie gegeben werden kann. Diese Eigenschaft wurde bisher nicht in der Literatur [5][24][25] erwähnt und wäre interessant unter dem statistischen Sicherheitsaspekt zu untersuchen.

5.2 Ausblick

In diesem Abschnitt behandeln wir konkrete Verbesserungsvorschläge der Algorithmen aus Kapitel 2 und interessante Thematiken für zukünftige Arbeiten, die aus zeitlichen Gründen nicht in diese Bachelorarbeit eingehen konnten.

Genetische Algorithmen

Die genetische Suche wurde mit üblichen Parametern durchgeführt, die keine besondere Spezialisierung für die Anwendung bekommen haben. Darunter fällt der Mutationsparameter in CoSyNE, der in der Literatur sehr hoch gewählt war [24] und die Begrenzung der Koeffizienten auf [-3,3] die wir gewählt so haben, weil es keine dafür Quellen dafür gab.

Aufbau und Kodierung des neuronalen Netzes

Der Aufbau des ANNs kann bezüglich der Schicht aus LSTM-Neuronen in Tiefe und Größe verändert werden, da wir damit potenziell bessere Lernfähigkeiten erzielen können. Vorallem in der Kombination mit der DCT-Kompression besteht die Möglichkeit Netze mit über 1 Million Gewichten erfolgreich zu kodieren [31].

Außer DCT gibt es noch eine andere Technik zur Verringerung des Suchraums, die auf Wavelets basiert und vielversprechende Ergebnisse in vielen Arcade Learning Environments geschafft hat [32]. Die Wavelet-Transformation funktioniert ähnlich wie die Fourier-Transformation und bildet den Suchraum (von Gewichten) auf einen Koeffizientenraum ab. Dabei wird aber nicht nur die Frequenz kodiert, wie bei DCT, sondern auch die Position der Daten, sodass wir eine stetige Ordnung beibehalten. In der Anwendung zur Kodierung von ANNs kann man aus der Lokalitätsinformation ableiten, zu welchem Neuron ein bestimmtes Gewicht gehört. Damit können wir uns auf bestimmte Bereich im Netz konzentrieren, anstatt das gesamte Netz mit dem veränderten Frequenzspektrum zu beeinflussen.

Ein Vergleich zwischen DCT und der Wavelet-Transformation sieht man an der Octopus-Arm-Aufgabe [32]. Dabei muss man einen Arm, der aus 18 Segmenten besteht, in einer 2D Umgebung einen Punkt berühren lassen, indem die entsprechenden „Muskeln“ angespannt werden. Dieses Problem wird oft als Benchmark für Neuroevolution benutzt [5][31][32].

Cross Entropy Method

Die Cross Entropy Method Lösung wurde lediglich in der einfachsten Form umgesetzt und es findet weder Repopulation mit neuen Individuen statt, noch haben wir einen Mutationsschritt. Das Hinzufügen und Spezialisierung von diesen Methoden würde wahrscheinlich zu besseren Lösungen führen. Viele Verbesserungen finden sich dazu in der Literatur bei der Spezialisierung für das Spiel Tetris [27].

Aktionsraum

Der High-Level Aktionsraum wurde während der Arbeit im HFO Framework erweitert, sodass wir Aktionen wie *Go_To_Ball* oder *Reduce_Angle_To_Ball* nicht benutzen konnten. Da die Dokumentation der übrigen Aktionen sehr spärlich ausgefallen ist, würden eigene Aktionen eine bessere Möglichkeit bieten über die Effektivität der Algorithmen zu argumentieren. Sie würden auch sehr wahrscheinlich vielartige Taktiken zulassen.

Die Low-Level Aktionen mit Argumenten, wie *Pass* oder *Kick_To*, könnten in dem ANN mit geringem Aufwand als zusätzliche Ausgangsparameter modelliert werden und würden eine schwierigere, aber dennoch interessante Herausforderung darstellen.

Multi-Agenten Systeme

Da die Simulation skalierend modelliert wurde, erlaubt sie uns einfaches Testen mit mehreren Agenten, wie 2vs1, oder 4vs4. Leider hätten ausführliche Tests dieser Domänen den zeitlichen Rahmen der Bachelorarbeit maßlos gesprengt.

5.3 Schlusswort

Das Schlusswort bilden wir aus dem Anriss über Forschungsthemen, dem HFO Framework und den fortlaufenden Nutzen dieser Arbeit für die aktuelle Forschung.

Implementierung für OpenAI Gym

Während der Entwicklung dieser Arbeit gab es eine Implementierung der HFO Domäne für das 1vs1 Szenario in der OpenAI Gym, das ein bekanntes Machine Learning Framework in Python ist. Die Umsetzung von unseren Algorithmen dafür wäre der nächste logische Schritt um die neuroevolutionären Methoden mehr in den Fokus zu rücken. Diese spezielle Implementierung erlaubt uns Schritte vorzusimulieren, da der Torwart deterministisch ist. Damit können andere Trainingstechniken, wie Backpropagation, benutzt werden, die einen interessanten Vergleich anstellen.

Eine andere interessante Fragestellung ist ob das Wissen, das nach dem Lernen gegen den vordefinierten Torwart entstanden ist, auch gegen den Weltmeister aus dem Jahr 2012 “Helios” anwendbar ist.

ConvNet, CoSyNE, DCT und Wavelets

In dem Paper von Jan Schmidhuber [31] wird CoSyNE und DCT für die Komprimierung von über 1 Million Gewichten in einem convolutional neural network benutzt und hat beeindruckende Ergebnisse für die Steuerung von einem Auto mit Bilddaten erzielt. Deshalb würde es sich vielleicht anbieten die Verknüpfung von CoSyNE und DCT zum Vortrainieren von Modellen für convolutional networks auszuprobieren.

Wavelets, die von Jürgen Schmidhuber als logischer Nachfolger für die DCT Transformation im Gewichtssuchraum entwickelt wurden [32], sollten auch einem Vergleich mit naiven GAs und CoSyNE unterzogen werden, da bei unseren Beispielen der naive GA bessere Individuen entwickelt hat.

RoboCup

RoboCup hat sich als Ziel gesetzt echte Roboter gegen die Fußballweltmeister im Jahr 2050 antreten zu lassen und ich bin nach dieser Arbeit der Ansicht, dass es gar nicht so unwahrscheinlich ist. Wenn wir die aktuellen Robotikfortschritte anschauen, wie Atlas von Boston Dynamics [33], der bereits externe Krafteinwirkungen abfangen kann, ist der Weg nicht mehr weit zu gemeinsamen sportlichen Aktivitäten.

Man muss sich vor Augen führen, dass die Entwicklung von Machine Learning in den letzten 12 Jahren einen extremen Sprung gemacht hat, was Bilderkennung [2], eine Go KI [3], Stimmsynthese [4] und allgemeine Spieler für das Atari Arcade Learning Environment [34], angeht. Wir sind heute noch ganze 34 Jahre von der Deadline entfernt und wenn wir mit ähnlicher Effektivität diese Zeit nutzen werden wie die letzten Jahre, bin ich davon überzeugt, dass Fußball eine eigene Roboter Liga bekommen wird.

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] D. Silver, A. Huang, C. J. Maddison, A. Guez, L. Sifre, G. van den Driessche, J. Schrittwieser, I. Antonoglou, V. Panneershelvam, M. Lanctot, S. Dieleman, D. Grewe, J. Nham, N. Kalchbrenner, I. Sutskever, T. Lillicrap, M. Leach, K. Kavukcuoglu, T. Graepel, and D. Hassabis, “Mastering the game of go with deep neural networks and tree search,” *Nature*, vol. 529, pp. 484–503, 2016.
- [4] A. van den Oord, S. Dieleman, H. Zen, K. Simonyan, O. Vinyals, A. Graves, N. Kalchbrenner, A. W. Senior, and K. Kavukcuoglu, “Wavenet: A generative model for raw audio,” *CoRR*, vol. abs/1609.03499, 2016.
- [5] J. S. Jan Koutník, Faustino Gomez, “Evolving neural networks in compressed weight space,” *GECCO '10*, 2010.
- [6] M. Hausknecht, P. Mupparaju, S. Subramanian, S. Kalyanakrishnan, and P. Stone, “Half field offense: An environment for multiagent learning and ad hoc teamwork,” in *AAMAS Adaptive Learning Agents (ALA) Workshop*, (Singapore), May 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. Whitley, “Applying genetic algorithms to neural network problems: A preliminary report,” in *Proceedings of the International Neural Network Society Conference*, PROC INNS88, 1988.
- [11] R. M. David E. Moriarty, “Game playing othello neuro-evolution marker-based encoding.” <http://dx.doi.org/10.1080/0954009509696191>, 1995.
- [12] B. W. Derrik H. Nguyen, “Neural networks for self-learning control systems.” <https://web.stanford.edu/class/ee373b/NNselflearningcontrolsystems.pdf>, 1990.
- [13] 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.
- [14] 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.

Literaturverzeichnis

- [15] J. S. Sepp Hochreiter, “Long short term memory.” http://deeplearning.cs.cmu.edu/pdfs/Hochreiter97_lstm.pdf, 1997.
- [16] A. G. Jürgen Schmidhuber, “Framewise phoneme classification with bidirectional lstm and other neural network architectures,” *IJCNN*, 2005.
- [17] Hecht-Nielsen, “Theory of the backpropagation neural network.” <http://ieeexplore.ieee.org/document/118638/>, 1989.
- [18] C. M. Bishop, “Pattern recognition and machine learning,” *Springer*, 2006.
- [19] F. Miller, A. Vandome, and J. McBrewster, *Fermat’s Theorem (Stationary Points): Theorem, Real Analysis, Pierre de Fermat, Maxima and Minima, Derivative, Open Set, Stationary Point, Equation, Necessary and Sufficient Condition, Inflection Point, Second Derivative*. Alphascript Publishing, 2009.
- [20] P. D. V. Tresp, “Machine learning and data mining.” http://www.dbs.ifai.lmu.de/cms/Maschinelles_Lernen_und_Data_Mining, 2016.
- [21] 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.
- [22] G. K. Wallace, “The jpeg still picture compression standard,” *IEEE Transactions on Consumer Electronics*, vol. 38, pp. xviii–xxxiv, Feb 1992.
- [23] J. L. Mitchell, *MPEG video compression standard*. Springer Science & Business Media, 1997.
- [24] 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.
- [25] J. S. Jan Koutník, Faustino Gomez, “Evolving deep unsupervised convolutional networks for vision-based reinforcement learning,” *GECCO ’14*, 2014.
- [26] J. J. Grefenstette, “Optimization of control parameters of genetic algorithms,” *IEEE Transactions on system, man and cybernetics*, 1986.
- [27] I. Szita and A. Lörincz, “Learning tetris using the noisy cross-entropy method,” *Neural Computation*, 2006.
- [28] T. Hida, *Brownian Motion*, pp. 44–113. New York, NY: Springer US, 1980.
- [29] O. G. Blog, “Black box optimization and the cross entropy method.” <https://gym.openai.com/docs/r1#black-box-optimization-and-the-cross-entropy-method>. [Online; accessed 30-Nov-2016].
- [30] Robocup, “A brief history of robocup.” http://www.robocup.org/a_brief_history_of_robocup, 2016. [Online; accessed 27-Nov-2016].
- [31] G. C. Jan Koutník Faustino Gomez, Jürgen Schmidhuber, “Evolving large-scale neural networks for vision-based reinforcement learning,” *GECCO ’13*, 2013.
- [32] K. D. Sjoerd van Steenkiste, Jan Koutník, “A wavelet-based encoding for neuroevolution,” *GECCO ’16*, 2016.

- [33] C. G. A. Siyuan Feng, X Xinjilefu, “Optimization based controller design and implementation for the atlas robot in the darpa robotics challenge finals,” in *IEEE-RAS 2015*, 2015.
- [34] Y. Naddaf, *Game-Independent AI Agents for Playing Atari 2600 Console Games*. Masters, University of Alberta, 2010.