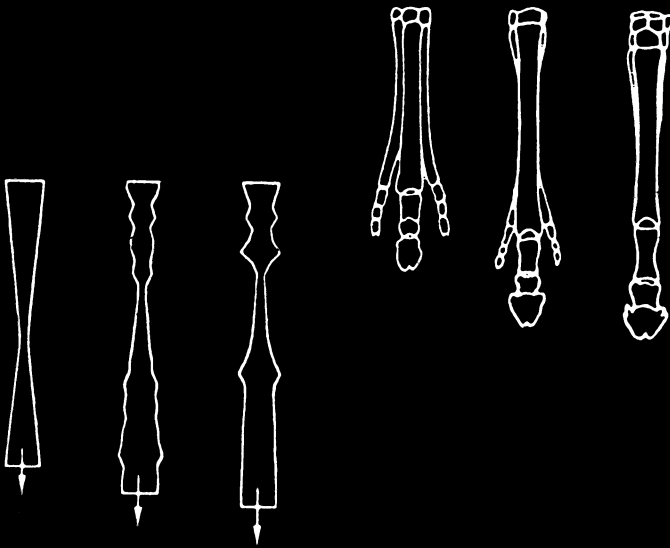


Ingo Rechenberg

Evolutionstrategie

Nachwort von
Manfred Eigen



problemata
frommann-holzboog


15

Der Autor stellt seine Arbeit auf den Seiten 5 und 6 in deutscher und englischer Sprache vor. Weitere Bände sind auf der zweiten Umschlagklappe angezeigt.

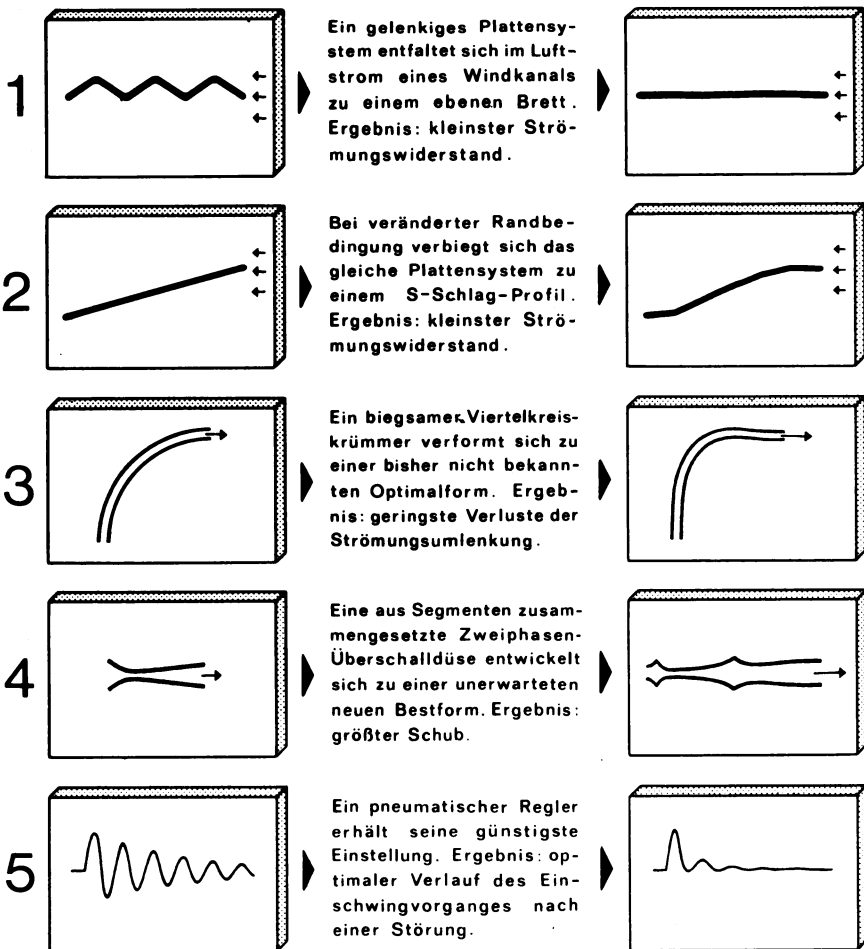
Die Reihe „problemata“ erscheint seit 1971 und wird von Günther Holzboog herausgegeben. Sie versteht sich als ein Marktplatz, auf dem akute Probleme und Interessen offen — nach den Spielregeln der Wissenschaft, aber frei von Fachgrenzen — verhandelt werden.

On p. 5 and 6 of this volume the author gives a summary of his work in English and in German. Further volumes available in this series are listed on the back flap of the jacket.

The „problemata“ series is edited by Günther Holzboog and has been published since 1971. The series „problemata“ is intended to be a forum for the discussion of urgent problems and interests; these are dealt with according to the rules of scholarship, while not, however, being restricted within the bounds of individual disciplines.

**Deutsche
Forschungsanstalt
für Luft-
und Raumfahrt e.V.**
Forschungszentrum Braunschweig
Zentralbibliothek
3000 Braunschweig-Flughafen

Experimente mit der Evolutionstrategie



Ingo Rechenberg
Evolutionstrategie ^{€50}
Optimierung technischer Systeme
nach Prinzipien
der biologischen Evolution

mit einem Nachwort von
Manfred Eigen

gut
060120

problemata
frommann-holzboog

Meinen Eltern

In der Reihe *problemata* kann zum selben Problem eine Monographie, Anthologie und ein Essay-Band erscheinen.

© Friedrich Frommann Verlag (Günther Holzboog KG.)

Stuttgart-Bad Cannstatt 1973

ISBN 3 7728 0373 3 (Ln.) ISBN 3 7728 0 374

Ingo Rechenberg, Dr.-Ing., Professor für das Fachgebiet Bionik und Evolutionstechnik am Institut für Meß- und Regelungstechnik (Fachbereich Verfahrenstechnik) der Technischen Universität Berlin.

Es wird die Hypothese aufgestellt, daß die biologische Evolutionsmethode eine optimale Strategie zur Anpassung der Lebewesen an ihre Umwelt darstellt. Deshalb sollte es sich lohnen, Prinzipien der biologischen Evolution auch zur Optimierung technischer Systeme heranzuziehen.

Laboratoriums-Experimente zeigen, daß sich bereits das einfache biologische Prinzip von Mutation und Selektion mit Erfolg zur Entwicklung strömungsgünstiger Körperformen anwenden läßt. Kopiert man die Vererbungsregeln genauer, so läßt sich die Wirksamkeit der Evolutionsstrategie noch erheblich steigern.

Anschließend wird eine Theorie vorgestellt, die auf der Annahme aufbaut, daß die Qualität eines technischen Systems und die Tauglichkeit eines Lebewesens austauschbare Begriffe darstellen. Das Ergebnis ist eine Formel für die Konvergenzgeschwindigkeit der Evolutionsstrategie. Diese Formel wird dann benutzt, um die Evolutionszeit zum Erreichen des heutigen Entwicklungsstandes höherer Lebewesen mathematisch abzuschätzen.

The biological method of evolution is postulated to be an optimal strategy to adapt organisms to their environment. Therefore it may be promising to optimize engineering systems applying principles of biological evolution.

Laboratory experiments demonstrate that the simple biological mechanism of mutation and selection can be used successfully to evolve optimal systems in the field of fluid dynamics. A better imitation of the hereditary rules of higher organisms considerably improves the effectiveness of the evolutionary strategy.

Finally a theory is developed, which is based upon the assumption, that the quality of an engineering system can be compared with the

fitness of a living organism. It results in a formula for the rate of convergence of the evolutionary strategy. This formula is then used to calculate the time of evolution required for the transition from the first living cell to present-day species.

Inhaltsverzeichnis

Vorwort.....	9
--------------	---

Einleitung:

1. Biologie, Technik und Evolution	13
--	----

Teil A:

Vereinfachte technische Nachahmung des biologischen Evolutionsvorganges

2. Das Mutations-Selektions-Prinzip	19
3. Variabilität der Versuchsubjekte	23
4. Optimierungsversuche mit dem Mutations-Selektions-Verfahren ..	25
5. Folgerungen aus den Ergebnissen	40

Teil B:

Höhere Nachahmungsstufen der biologischen Evolution

6. Modelldarstellung eines Entwicklungsvorganges in Biologie und Technik	45
6.1 Der technische Variablenraum	45
6.2 Der biologische Variablenraum	49
7. Zwischenbetrachtung zur Konvergenz des Mutations-Selektions-Prinzips	57
7.1 Der optimale Code ..	57
7.2 Tauglichkeitsdichtefeld und Phylogenie	61
8. Strategien der technischen und biologischen Entwicklung	63
8.1 Die technische Methode der Optimierung	64
8.2 Die biologische Methode der Optimierung	70
9. Programm der erweiterten Evolutionsstrategie	78

10. Erster Testversuch mit der erweiterten Evolutionsstrategie	83
11. Mehrgliedrige Evolution zur technischen Optimierung	87

Teil C:

Zur Theorie der Evolutionsstrategie

12. Aufgabe der Theorie	91
13. Konvergenz des Mutations-Selektions-Verfahrens	92
14. Fortschrittsgeschwindigkeit des Mutations-Selektions-Verfahrens .	100
14.1 Das Korridormodell	104
14.2 Das Kugelmodell	115
15. Optimales Fortschreiten beim Korridor- und Kugelmodell	120
16. Vergleich des Mutations-Selektions-Verfahrens mit der Gradientenstrategie	123

Schluß:

17. Zusammenfassung	131
18. Die lernende Population	132
19. Das Evolutionsfenster	137
20. Evolutionsdauer und Entwicklungshöhe	141
21. Nachtrag	145

Nachwort	151
---------------------------	-----

Schrifttum	155
-----------------------------	-----

Register	161
---------------------------	-----

Vorwort

Mathematisch-technische Optimierung und biologische Evolution besitzen in den Augen vieler geradezu polaren Charakter: Auf der einen Seite das determinierte ökonomische Vorgehen des Ingenieurs, auf der anderen das verschwenderische Zufallsspiel der Natur. In der vorliegenden Untersuchung möchte ich zeigen, daß im Gegensatz zu dieser Auffassung die Evolution eine Strategie benutzt, die einem scharfsinnigen mathematischen Optimierungsverfahren ebenbürtig ist.

Mit der Evolutionsstrategie wurde zum erstenmal 1964 bei Professor *Wille* am *Hermann-Föttinger*-Institut der TU Berlin experimentiert. Im Rahmen eines Forschungsvorhabens wurde seinerzeit versucht, einen Stromlinienkörper zu finden, der über einen großen Bereich seiner Oberfläche verschwindend kleine Wandreibung aufweist. Als sich die Form des Körpers nicht auf mathematischem Wege finden ließ, entstand der Plan, zur Lösung der Aufgabe den Rechner „Natur“, nämlich das System selbst zu verwenden. Ein flexibler Strömungskörper sollte im Windkanal sukzessive verstellt werden, bis die Lösung gefunden war. Um mögliche Verstell-Strategien auszuprobieren, wurde der Test mit der verwinkelbaren Gelenkplatte ausgedacht (s. Kapitel 4). Als besonders geeignet erwies sich bei den Experimenten eine Strategie, die das biologische Evolutionsprinzip in sehr vereinfachter Form nachzuahmen versuchte. Rückblickend muß allerdings gesagt werden, daß die damals entwickelte Zufallsstrategie durchaus nicht in allen Punkten neu war. Neuartig war dann aber der nächste Schritt. Es wurde – in Anlehnung an die natürliche Population – mit einem Gruppenschema experimentiert. Zwar ergab dieses Verfahren damals noch keinen ersichtlichen Vorteil. Der Wert der Gruppe

wurde erst später erkannt (s. Kapitel 11 und 18). Aber die Idee, Prinzipien der biologischen Evolution zur Optimierung technischer Systeme heranzuziehen, erschien von nun an so faszinierend, daß das Problem des reibungsarmen Strömungskörpers mehr und mehr in den Hintergrund rückte.

Die Weiterentwicklung der Evolutionsstrategie erfolgte am Institut für Meß- und Regelungstechnik der TU Berlin. Dem Direktor des Instituts, Herrn Professor Dr.-Ing. habil. *Th. Gast*, gilt an erster Stelle mein Dank. Ohne seinen unermüdlichen Einsatz hätte das Vorhaben nicht weitergeführt werden können. Ferner bin ich Herrn Professor Dr. phil. habil. *J.-G. Helmcke* für die Durchsicht des biologischen Teils der Arbeit sowie für zahlreiche Verbesserungsvorschläge zu großem Dank verpflichtet. Hervorheben möchte ich auch die Förderung des Vorhabens durch die *Deutsche Forschungsgemeinschaft*. Ihr sei dafür ebenfalls ausdrücklich gedankt. Schließlich hat der Enthusiasmus, mit dem meine beiden Freunde, Herr Dipl.-Ing. *Peter Bienert* und Herr Dipl.-Ing. *Hans-Paul Schwefel*, am selben Vorhaben arbeiten, wesentlich zum Gelingen der Arbeit beigetragen.

Berlin, im Sommer 1973

Ingo Rechenberg

Einleitung

1. Biologie, Technik und Evolution

Seit je haben Ingenieure versucht, Strukturen der belebten Natur nachzuahmen. Seit 1960 gibt es einen eigenständigen Wissenschaftszweig, die Bionik, die es sich zur Aufgabe gemacht hat, technische Probleme durch Nachahmung biologischer Vorbilder zu lösen [1, 2, 3, 4, 5]. Anlaß für diese Arbeiten ist keineswegs Schwärmerei für die Vollkommenheit der Natur. Die Forschungen auf dem Gebiet der Bionik beruhen vielmehr auf einer grundlegenden Erkenntnis: Die heutigen Lebewesen sind das Ergebnis einer über drei Milliarden Jahre andauernden Evolution. Während dieser Zeitspanne hat die natürliche Auslese alles Unangepaßte eliminiert. Das Ergebnis dieses Langzeitexperiments, für das der riesige Versuchsraum der Erdoberfläche zur Verfügung stand, sind optimal an die jeweilige Umwelt angepaßte Lebensformen. Somit erscheint es vernünftig, die im Verlauf der Evolution gesammelten Experimentiererfahrungen, wie sie in jeder biologischen Struktur heute enthalten sind, technisch auszuwerten.

Forschungsthemen der Bionik sind:

- die widerstandsvermindernde Elastizität der Delphinhaut,
- die Turbulenzdämpfung des Schleimes von Fischen,
- die Stofftrennungs-Eigenschaften biologischer Membranen,
- die Baustatik von Diatomeen-Schalen,
- die biologischen Methoden der Energieumwandlung,
- die datenverarbeitende Funktion des Neurons,

die Mustererkennung in neuronalen Netzwerken,
die Sinnesorgane von Lebewesen als Modelle für technische
Meßgeräte,
die Organisationsformen komplexer biologischer
Regelungssysteme,
die Zuverlässigkeit biologischer Systeme u. a.

Eigenartig ist, daß die Experimentiermethode, die derartige Lebensleistungen hervorgebracht hat, kaum für nachahmenswert gehalten wird. Es herrscht die Meinung vor, daß die Evolution in erster Linie durch die zur Verfügung stehenden langen Zeiträume und weniger durch eine besonders raffinierte Arbeitsweise die erstaunlichen Umwelthanpassungen zuwege gebracht hat. Ich möchte aber behaupten, daß die Experimentiermethode der Evolution gleichfalls einer Evolution unterliegt. Es ist nämlich nicht nur die momentane Lebensleistung eines Individuums für das Überleben der Art wichtig; nach mehreren Generationen wird auch die bessere Vererbungs-Strategie, die eine schnellere Umwelthanpassung zustandebringt, ausgelesen und weiterentwickelt.

Hierzu ein Beispiel: Es ist anzunehmen, daß sich die ersten primitiven Lebewesen lediglich durch einfache Teilung vermehrt haben. Dabei werden mitunter Erbanlagen fehlerhaft dupliziert worden sein. Es entstanden Mutanten, in der Regel weitaus mehr untaugliche als taugliche. Angenommen, in einer solchen sich ungeschlechtlich vermehrenden Population entstanden pro Generation M Mutationen mit positivem Selektionswert. Dann mußten sich die wenigen positiven Mutationen erst in der gesamten Population durchgesetzt haben, ehe die Wahrscheinlichkeit bestand, daß wieder M Individuen in einer Generation auftraten, die zur ersten positiven Mutation noch eine zweite positive hinzubekamen usw. Sicher würden sich positive Mutationen schneller im Erbgut der Lebewesen ansammeln, wenn zwischen den Erbträgern einer Population Erbanlagen ausgetauscht werden könnten. Tatsächlich hat sich im Laufe der Evolution frühzeitig mit der sexuellen Fortpflanzung eine solche Ver-

erbungs-Strategie herausgebildet. Die Evolutionsgeschwindigkeit hat sich erhöht.

Wir wollen diesen Gedankengang verallgemeinern. Wenn für die Nachkommen eines Lebewesens beschleunigte Höherentwicklung einen Selektionsvorteil bedeutet, dann sollte die Evolution während ihres drei Milliarden Jahre andauernden Wirkens sich selbst eine Arbeitsweise gegeben haben, die schnellstes Fortschreiten zustandebringt.

Im Verlauf der Evolution entstanden:

die genetische Kontrolle der Mutabilität,
die sexuelle Fortpflanzung,
das Crossing-over der Chromosomen,
die dominante und rezessive Vererbung u. a.

Wir müssen annehmen, daß diese Mechanismen den Zweck haben, ein Lebewesen möglichst schnell an die jeweilige Umwelt anzupassen. Auf diese Erkenntnis stützt sich die in dieser Arbeit vertretene Hypothese, daß eine genaue Nachahmung der biologischen Evolutionsmethode eine ausgezeichnete Strategie zur Optimierung technischer Systeme ergeben sollte.

Der Leitgedanke, daß die biologische Evolution technisch nachahmenswerte Mechanismen geschaffen hat – ihre eigene Arbeitsweise miteinander geschlossen – klingt überzeugend. Dennoch lehnen viele Wissenschaftler und Ingenieure eine Nachahmung der Natur ab. Es wird darauf verwiesen, daß gerade die äußerst genauen Naturkopien in der Technik vergangener Zeiten sich häufig als groteske Fehlschritte erwiesen haben.

Nun ist es auch falsch zu glauben, ein natürliches Vorbild müsse möglichst genau kopiert werden, um höchste Vollkommenheit in der technischen Ebene zu erreichen. Ein technischer Mechanismus, der ein biologisches Vorbild nachahmt, könnte nur dann ebenfalls optimal sein, wenn beide Male die gleiche Funktion unter den gleichen Randbedingungen erfüllt werden soll. Gleiche Randbedingungen sind aber kaum zu erwarten,

da biologische und technische Strukturen aus völlig verschiedenen Materialien aufgebaut sind. Ferner wird der Ingenieur gewöhnlich nur an bestimmten biologischen Teilfunktionen interessiert sein und diese allein kopieren. Im Verlauf der Evolution wurde jedoch die Gesamtfunktion des Organismus optimiert, wobei es wahrscheinlich ist, daß zwischen einzelnen Teilfunktionen Kompromisse gebildet wurden.

Deshalb kann die Bionik nur nahe an eine technische Optimallösung heranführen. Das biologische Vorbild bestimmt einen Anfangspunkt, von dem aus eine Weiterentwicklung unter den speziellen technischen Bedingungen einsetzen kann. Das gilt auch für die Nachahmung der biologischen Evolution. Es muß nicht unbedingt am besten sein, jeden Evolutionsfaktor genauestens zu kopieren. Das Verstehen des jeweiligen biologischen Vorganges kann ebenso wertvoll sein, wenn es darauf gelingt, ein idealisiertes Schema zu entwerfen, das die gleiche Wirkung hervorbringt.



Vereinfachte technische Nachahmung des biologischen Evolutionsvorganges

2. Das Mutations-Selektions-Prinzip

Bei dem Vorhaben, Prinzipien der biologischen Evolution zur Leistungssteigerung technischer Systeme anzuwenden, ergibt sich eine grundsätzliche Schwierigkeit. Die verbale Beschreibung des Evolutionsgeschehens durch den Biologen [6, 7, 8, 9] reicht nicht aus, um diesen Vorgang unmittelbar technisch-mathematisch nachzuvollziehen. Der biologische Prozeß muß zuvor in ein Programm technisch realisierbarer Befehle übersetzt werden.

Nun ist für den Biologen jeder Faktor gleichermaßen wichtig, der zu einer Höherentwicklung der Lebewesen führt. Die moderne synthetische Theorie der Evolution kennt deshalb äußerst viele Faktoren. Für eine künstliche Evolution möchte man jedoch nur die wirksamsten Naturprinzipien nachahmen, damit der Algorithmus noch einfach zu handhaben ist. Um zu entscheiden, welche Evolutionsfaktoren wichtig sind und welche nicht, sollten wir schrittweise vorgehen und als erstes die überzeugendsten biologischen Faktoren in ein technisches Handlungsschema übersetzen.

Bei maximaler Abstraktion läßt sich die biologische Evolution als ein zweistufiger Prozeß auffassen: Die Erzeugung zufälliger Variationen und die Aussonderung der unvorteilhaften Varianten durch die natürliche Auslese. Diese beiden elementaren Kräfte der Evolution können wir ohne Schwierigkeit auch zur Optimierung technischer Systeme anwenden, wenn wir folgende Parallelen ziehen.

1. Wir vergleichen die Gesamtheit der Erbanlagen eines Lebewesens, den Genotyp, mit den Konstruktionsunterlagen für ein technisches Gebilde. Die „Schalterstellungen“ der Gene in den Chromosomen eines Organismus entsprechen den Maßangaben auf der Konstruktionszeichnung des technischen Objekts.
2. Wir vergleichen das sichtbare Erscheinungsbild eines Lebewesens, den Phänotyp, mit dem betriebsfertigen technischen Objekt.
3. Wir vergleichen die Vitalität eines Lebewesens in einer bestimmten Umwelt mit der Qualität eines technischen Objekts unter den vorgegebenen Randbedingungen.

Die Gene im Erbgut eines Lebewesens können durch Mutationen verschiedene Schalterstellungen annehmen, wodurch sich das Erscheinungsbild und damit auch die Lebensleistung der Nachkommen ändern. So sind z. B. unterschiedliche Blütenfarben einer Zierblumenart das Ergebnis verschiedener Schaltstellungen der Gene. Aber auch die Daten einer technischen Konstruktionsanweisung können variabel sein. Im Flugzeugbau wird beispielsweise die Form eines Tragflügelprofils durch Angabe der Koordinaten für den Profilrand in einem (x, y) -System festgelegt. Bis heute sind in den verschiedenen aerodynamischen Versuchsanstalten Tausende von Profilen entworfen und vermessen worden. Die Koordinatenwerte dieser Profilsammlung lassen sich demnach mit den verschiedenen Gen-Schaltstellungen in den Chromosomen von Lebewesen vergleichen.

Die Vitalität eines Lebewesens setzt sich offensichtlich aus zahllosen Einzelleistungen zusammen. Die Natur als Umwelt bildet gewissermaßen Mittelwerte aus allen Eigenschaften und entscheidet vom gesamten Befund her. Aber auch die Qualität eines Tragflügelprofils setzt sich aus vielen Größen zusammen. Ein Flügelprofil muß z. B. für den Reiseschnellflug genauso gut geeignet sein wie für den Landeanflug. Es soll eine geringe Druckpunktwanderung aufweisen, kleine Übergeschwindigkeiten auf der Profilkontur besitzen usw.

Vorerst wollen wir aber derart komplizierte Bewertungskriterien ausschließen. Wir wollen annehmen, daß die Qualität einer Profilform allein durch ihren aerodynamischen Auftrieb bestimmt wird. Wie würde die Nachahmung des biologischen Mutations-Selektions-Prinzips aussehen, wenn wir für dieses Beispiel eine Profilform größten Auftriebes entwickeln wollten?

Offensichtlich können wir von folgenden Parallelen ausgehen:

Gen-Schaltstellungen = Profilkordinaten,
Phänotyp = Windkanalmodell,
Umwelt = Strömung,
Vitalität = Auftrieb.

Vorgegeben seien die Koordinatenwerte von μ Profilformen. Sie sollen das genetische Material einer biologischen Population symbolisieren. Zur Nachahmung der identischen Selbstverdoppelung des genetischen Materials wollen wir die Koordinatentabellen auf einzelnen Karten anordnen, so daß sie sich getrennt kopieren lassen.

Als erstes werden die tabellierten μ Profilformen realisiert; es werden z. B. maßstabsgerechte Modelle aus Holz angefertigt. Im Windkanal messen wir den Strömungsauftrieb jeder Form und notieren die Ergebnisse auf den betreffenden Profildatenkarten. Danach wird von den μ Karten eine zufällig herausgegriffen und kopiert. Zur Nachahmung von Genmutationen werden dann auf dieser Kopie einige Koordinatenwerte durch einen Zufallsprozeß abgeändert. Die Beträge dieser Abänderungen sollen – der natürlichen genetischen Variationskurve entsprechend – eine binomiale Häufigkeitsverteilung besitzen. Nun fertigen wir nach den abgeänderten Koordinatenwerten wieder ein Modell an, ermitteln dessen Auftrieb im Windkanal und notieren das Meßergebnis auf der kopierten Karte. Nach diesem Schritt hat sich unsere Profilsammlung um eine Form vermehrt.

Zuvor hatten wir die μ Profil-Ausgangsformen mit den lebenden Individuen einer Population verglichen. In einer Population, die einen

bestimmten Lebensraum besetzt, sorgt die natürliche Auslese dafür, daß die Zahl der Individuen eine obere Grenze nicht überschreitet. Bei dieser Selbstregulierung werden die an die Umwelt besser angepaßten Organismen eher überleben und so ihren Vorteil an die Nachkommen weitergeben. Es kommt zu einer Höherentwicklung der biologischen Art. Dabei ist zu beachten, daß dieser Prozeß nur mit statistischer Genauigkeit arbeitet. Nicht immer gewinnt der Beste, nicht immer wird eine Population die gleiche Zahl von Individuen aufweisen, sondern nur im Mittel.

Bei der Übertragung der biologischen Evolutionsmethode in die technische Ebene sollen jedoch eindeutige Entscheidungen gelten. Wir setzen deshalb fest:

1. Die Zahl der Glieder einer Gruppe soll konstant bleiben.
2. Die Auslese soll stets das schlechteste Glied treffen.

Kommt also – wie oben geschildert – zu unseren μ Profildatenkarten eine neue hinzu, so muß von den $\mu + 1$ Karten diejenige weggenommen werden, die den niedrigsten Auftriebsvermerk trägt. Nur für den Fall, daß dies gleichzeitig für mehrere Karten zutrifft, wollen wir den Zufall darüber entscheiden lassen, welche Karte aussortiert wird. Es bleiben μ Karten übrig und das Spiel kann von vorn beginnen.

Wir wollen das soeben beschriebene Schema eine $(\mu + 1)$ -gliedrige Wettkampfsituation nennen. Setzen wir $\mu = 1$, so ergibt sich eine zweigliedrige Wettkampfsituation: Am Objekt wird eine Variation erzeugt, die beibehalten wird, wenn sich die Qualität verbessert, die zurückgenommen wird, wenn sich die Qualität verschlechtert. Dieses Schema läßt sich besonders einfach durchführen. Es wurde deshalb bei den im Kapitel 4 beschriebenen Experimenten zuerst angewendet.

3. Variabilität der Versuchsobjekte

Es stellt sich nun die Frage, ob das im vorangegangenen Kapitel entwickelte Denkschema zur Nachahmung der natürlichen Evolution nicht zu aufwendig ist, wenn man es praktisch ausführt. Es erscheint unökonomisch, von einem technischen Objekt (z. B. einem Tragflügelmodell) laufend neue Varianten herzustellen und die fertigen Produkte nach dem Feststellen ihrer Qualität wieder wegzuerwerfen. Denn jedes unserer Windkanalmodelle wird überflüssig, sobald es vermessen und der Auftriebswert auf der zugehörigen Datenkarte vermerkt worden ist.

Es gibt nur eine Situation, in der sich der Bau von Meßmodellen erübrigt; wenn sich nämlich die Qualität des technischen Objekts mathematisch vorausbestimmen läßt. In diesem Fall könnte das Evolutionschema vollständig in der mathematischen Ebene abgewickelt werden.

Tatsache ist jedoch, daß sich viele technisch bedeutsame Optimierungsaufgaben nicht mathematisch erfassen lassen. Es gibt dann keinen anderen Weg, als die Qualität des Objekts im Experiment festzustellen. Wir müssen uns deshalb überlegen, wie sich mit einem Minimum an Zeit und Material die vielen erforderlichen Objektvarianten erzeugen lassen.

Wir beschränken uns zunächst auf das Gebiet der Strömungstechnik. Hier handelt es sich vornehmlich darum, innerhalb eines Strömungsfeldes einzelne Elemente so anzuordnen bzw. Körperkonturen so auszubilden, daß der erstrebte Optimalzustand erreicht wird. Die erforderliche räumlich-geometrische Variabilität der Versuchsobjekte ließe sich z. B wie folgt erreichen:

1. **MECHANISCHE VERSTELLUNG:** Räumlich angeordnete Elemente können mittels mechanischer Vorschubeinrichtungen in ihrer Lage verändert werden. Oder mehrere schmale Flächenstreifen, die gelenkig miteinander verbunden sind, ergeben eine in ihrer Form verstellbare Oberfläche (siehe Experiment mit der Gelenkplatte).
2. **ELASTISCHE VERFORMUNG:** Häufig ist es möglich, eine variable Körperkontur aus einem hochelastischen Material aufzubauen. Eine

dünne Stahlhaut ergibt eine flexible Profilkontur. Ein Kunststoffmaterial liefert eine biegsame Rohrleitung (siehe Experiment mit dem Rohrkrümmer). Oder einzeln aufblasbare Gummikammern bilden zusammen einen veränderlichen Rotationskörper.

3. **SEGMENTWEISE KOMBINATION:** Eine Körperkontur kann aus vielen ähnlich geformten Segmenten zusammengesetzt werden. Zum Beispiel läßt sich durch Hintereinanderreihen von Scheiben mit passend abgestuften konischen Bohrungen eine rotationssymmetrische Düsenform erzeugen. Die Form eines derart zusammengesetzten Körpers kann dann durch Auswechseln einzelner Segmente verändert werden, wobei natürlich genügend viele verschiedene Segmente vorrätig sein müssen.
4. **ELEKTROLYTISCHES WACHSTUM:** Bei diesem vorerst hypothetischen Verfahren wird daran gedacht, Körperformen durch elektrolytisches Auf- und Abtragen eines Metalls an elektrisch leitenden Oberflächen aufzubauen. Dabei läßt sich die Formbildung möglicherweise durch räumlich veränderbare Magnetfelder steuern. Elektrolytisches Wachsen dürfte besonders gut zur Erzeugung fein aufgegliederter Oberflächenstrukturen geeignet sein.

Gemeinsames Kennzeichen der aufgeführten Verfahren ist die Umkehrbarkeit der Formänderung. Es ist jedoch möglich, auch mit nicht umkehrbaren Formgebungsverfahren variable Versuchsobjekte zu erzeugen, wenn nämlich die Herstellungsvorrichtungen für das betreffende Objekt variabel ausgeführt werden. Man könnte z. B. daran denken, durch Gießen, Strangpressen oder spanende Bearbeitung eines wachsähnlichen Materials neue abgewandelte Objekte zu fertigen, die wieder eingeschmolzen werden, wenn der Meßvorgang beendet ist.

Bisher wurden nur Überlegungen zur Flexibilität geometrischer Formen angestellt. In der Strömungstechnik sind geometrische Abmessungen zweifellos die maßgebenden Parameter. Für andere Fachgebiete werden andere Parameter charakteristisch sein. Die Varianten des Versuchsobjekts werden teils schwieriger, teils einfacher zu verwirklichen sein. Be-

sonders einfach läßt sich z. B. ein variables Versuchsobjekt im Bereich der Elektrotechnik realisieren. Die wesentlichen Parameter in einer elektrischen Schaltung, die Widerstände, Kapazitäten und Induktivitäten, sind in verstellbarer Ausführung handelsüblich.

4. Optimierungsversuche mit dem Mutations-Selektions-Verfahren

Das Versuchsschema der zweigliedrigen Wettkampfsituation wurde erstmals in der Strömungstechnik bei der Entwicklung optimaler Körperformen angewendet. Die Versuche ergaben in mehreren Fällen Optimallösungen, die bisher nicht bekannt waren.

Um die Wirksamkeit des Verfahrens kennenzulernen, wurde zunächst ein sehr einfaches Experimentierobjekt geschaffen. Sechs rechteckige Flächenstreifen wurden an ihren Längskanten gelenkig miteinander ver-

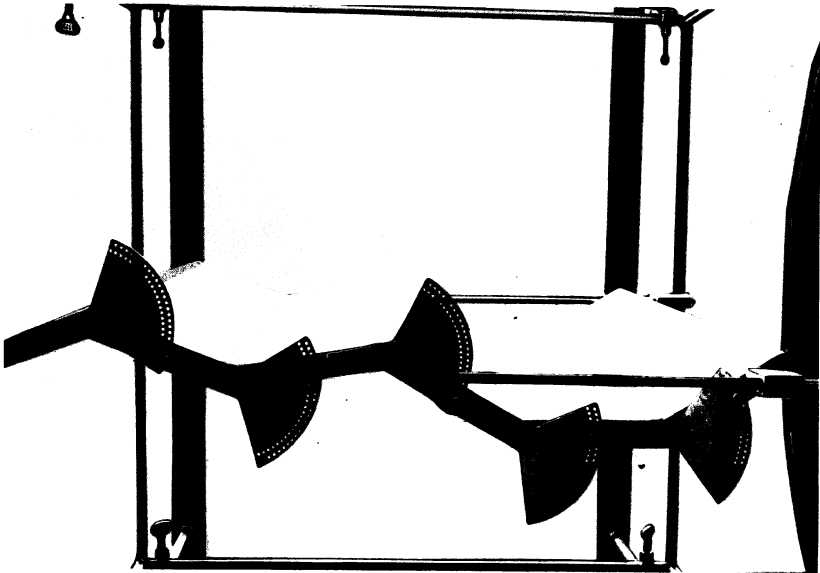


Bild 1. Versuchsobjekt – Gelenkplatte

bunden. Die Gelenke konnten einzeln verstellt und nach jeweils 2^0 Winkeländerung eingerastet werden. Jedes Gelenk besaß 51 Einraststufen. Die Faltplatte mit ihren fünf Gelenken konnte demnach $51^5 = 345\,025\,251$ verschiedene Formen annehmen. Es entstand so ein variabler Widerstandskörper (Bild 1).

Die Zufallszahlen zur Variation der Gelenkplattenform wurden nach dem Vorbild des *Galtonschen* Nagelbretts erzeugt. Angenommen, fünf Kugeln mit den Aufschriften φ_1 bis φ_5 passieren die im Bild 2 dargestellte Nagelpyramide. Jedesmal wenn eine Kugel gegen einen Nagel stößt, wird sie mit gleicher Wahrscheinlichkeit nach rechts oder links abgelenkt. Schließlich landen die Kugeln in Auffangkästen, welche die Zahlen von -5 bis $+5$ tragen. Die Kugeln repräsentieren die fünf Gelenke der Platte; die Kästchenaufschriften geben die Winkeländerungen an. Fällt also die erste Kugel mit der Aufschrift φ_1 in das Kästchen mit der Aufschrift $+2$, so heißt das, der Gelenkwinkel φ_1 soll um zwei Rasteinheiten in positiver Drehrichtung verstellt werden. Entsprechend können wir ablesen, um welche Beträge die übrigen vier Winkel verändert werden sollen. Dabei werden kleine Veränderungen ($+1$, -1) bedeutend häufiger auftreten als große ($+5$, -5). Das *Galtonbrett* erzeugt binomialverteilte Zufallszahlen, so wie sie zur Nachahmung der genetischen Variabilität auch angestrebt werden.

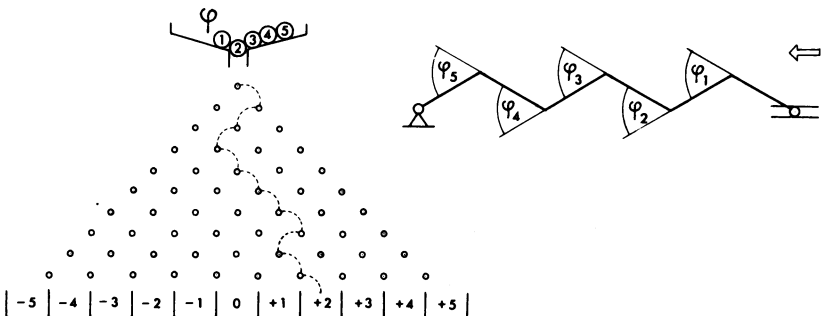


Bild 2. Das Galtonbrett zur Erzeugung der Zufallsverteilungen

Es ist jedoch schwierig, ein mechanisch fehlerfrei arbeitendes *Galton-*brett herzustellen. Die Funktion der im Bild 2 dargestellten zehnstufigen Nagelpyramide lässt sich aber wie folgt simulieren: Es wird mit 10 Scheibchen gewürfelt, die auf der einen Seite mit (+) und auf der anderen mit (-) gekennzeichnet sind. Zeigen dann bei einem Wurf 7 Scheibchen die Plus-Seite und 3 die Minus-Seite, so soll das bedeuten, daß eine Kugel beim Durchfallen der Nagelreihen siebenmal nach rechts und dreimal nach links abgelenkt wird. Es ergibt sich die Zufallszahl $(+7 - 3) / 2 = +2$.

Bei der ersten Optimierungsaufgabe wurde die Gelenkplatte so in den Windkanal eingebaut, daß sich Anfangs- und Endkante der Platte auf einer Linie parallel zum Luftstrom befanden. Dann wurde die Platte zu einer Zickzack-Form mit hohem Strömungswiderstand zusammengefaltet. Daraus sollte die Form mit dem geringsten Strömungswiderstand entwickelt werden. Der Widerstand konnte durch Integration der Nachlaufdüse hinter dem Körper mit einem *Pitotrohr*-Rechen gemessen werden.

Natürlich kennt man die Lösung dieses „Problems“ bereits im voraus. Den geringsten Widerstand besitzt eine ebene, parallel angeströmte Fläche. Das Experiment wurde durchgeführt, um zu prüfen, ob bei Anwendung der Evolutionismethode diese Optimalform auch wirklich gefunden wird, und wenn ja, wieviele Schritte dafür benötigt werden. In der Tabelle 1

Tabelle 1. Optimierungsergebnisse für die parallel angeströmte Gelenkplatte

		φ_1	φ_2	φ_3	φ_4	φ_5
I	Anfang	-30°	-40°	$+40^\circ$	-30°	$+40^\circ$
	Optimum	0°	$+4^\circ$	0°	$+6^\circ$	-6°
II	Anfang	-30°	-40°	$+40^\circ$	-30°	$+40^\circ$
	Optimum	-2°	-2°	$+4^\circ$	0°	$+2^\circ$
III	Anfang	-40°	$+40^\circ$	-40°	$+40^\circ$	-40°
	Optimum	0°	-1°	$+2^\circ$	$+2^\circ$	$+6^\circ$

sind die Daten von drei Experimenten zusammengestellt. Die ebene Form der Platte wird durchschnittlich nach 200 Schritten erreicht. Bei den Endformen fällt auf, daß nicht alle Gelenkwinkel genau den Wert Null angenommen haben. Das liegt daran, daß Widerstandsunterschiede zwischen einer leicht gewellten und der völlig ebenen Platte mit dem Pitotrohr-Rechen meßtechnisch nicht mehr festgestellt werden konnten. Es handelt sich um ein sehr flaches Optimum.

Das Bild 3 zeigt den zeitlichen Ablauf des Experiments I. Der Strömungswiderstand ist hier über der Zahl der Mutationen aufgetragen. Unter dem Diagramm wird nach jeweils zehn Mutationen die letzte Bestform der Platte gezeigt. Dieses Experiment ist insofern bemerkenswert,

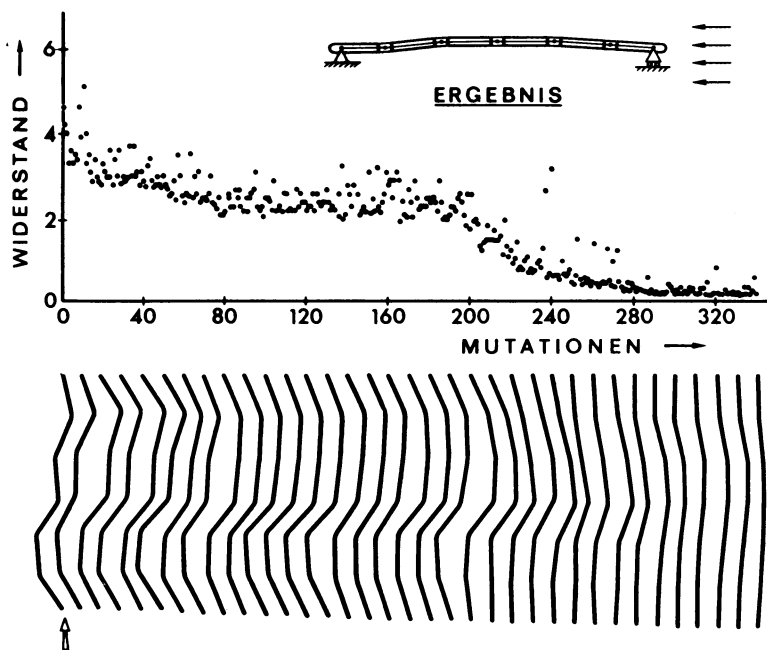


Bild 3. Verlauf der Optimierung der parallel angeströmten Gelenkplatte

als zwischen der Mutation 80 und 180 keine nennenswerte Verminderung des Widerstands auftritt. Die Gelenkplatte besitzt in diesem Stadium eine charakteristische S-Form. Es konnte später experimentell festgestellt werden, daß die fünfparametrische Widerstandsfunktion für diese Form ein lokales Minimum aufweist. Durch einen der seltenen großen Mutationschritte konnte dieses Zwischenminimum aber schließlich doch von dem Evolutionsverfahren überwunden werden.

Die gleiche Gelenkplatte konnte dann zur Lösung einer zweiten Optimierungsaufgabe verwendet werden. Es wurde lediglich eine Randbedingung geändert. Der vordere Lagerungspunkt der Platte wurde gegenüber dem hinteren um ein viertel der Plattentiefe angehoben. Als Ausgangsform wurde diesmal die ausgestreckte Form der Gelenkplatte gewählt. Die gegen den Luftstrom um 14° angestellte ebene Fläche besitzt aber einen hohen Widerstand, da die Strömung auf der Oberseite abreißt. Es wurden zwei Optimierungsversuche mit der Evolutionsmethode durchgeführt. Die Ergebnisse sind in der Tabelle 2 zusammengestellt. Den zeitlichen Ablauf des Experiments I zeigt das Bild 4. Als Form geringsten Strömungswiderstandes ergibt sich eine S-förmige Wölbung der Platte. Es ist gegenwärtig nicht möglich, diese Optimalform zu berechnen. Allerdings dürfte diese Aufgabenstellung für die Praxis auch wenig Bedeutung haben.

Für die Praxis interessanter ist die dritte Optimierungsaufgabe. Es wurde die Form einer rechtwinkligen Rohrumlenkung mit kleinstem

Tabelle 2. Optimierungsergebnisse für die schräg angeströmte Gelenkplatte

		φ_1	φ_2	φ_3	φ_4	φ_5
I	Anfang	0°	0°	0°	0°	0°
	Optimum	$+16^\circ$	$+6^\circ$	$+2^\circ$	0°	-18°
II	Anfang	0°	0°	0°	0°	0°
	Optimum	$+16^\circ$	$+4^\circ$	$+2^\circ$	0°	-18°

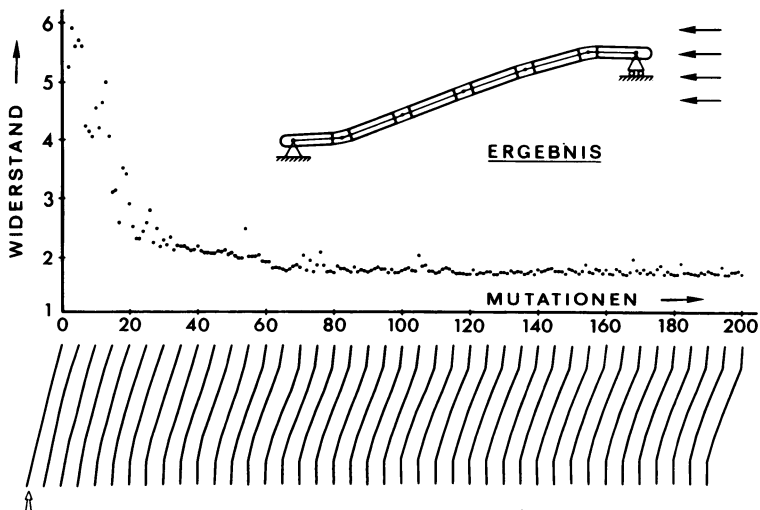


Bild 4. Verlauf der Optimierung der schräg angeströmten Gelenkplatte

Umlenkverlust gesucht. Das Bild 5 zeigt den zur Lösung dieses Problems verwendeten Versuchsaufbau: Ein flexibler Kunststoffschlauch wird zunächst in der Anlaufstrecke der Strömung in einem geraden Rohr geführt, dann in der Umlenkstrecke durch sechs verschiebbare Stangen gegalgt und schließlich in der nachfolgenden Beruhigungsstrecke wieder in einem geraden Rohr geführt. Die Positionen der sechs verschiebbaren Stangen sind die sechs Parameter des Systems. Die gesamte Rohrstrecke ist doppelt ausgeführt worden. Beide Rohrleitungen werden von demselben Druckkessel gespeist. Am Ende der Beruhigungsstrecke befindet sich in der Mitte beider Rohre je ein *Pitotrohr*. Der Gesamtdruck am *Pitotrohr* ist ein Maß für den Strömungsdurchsatz durch das betreffende Rohr.

Zu Beginn des Versuchs wurden beide Krümmen in eine Viertelkreisform gebracht. Während nun ein Krümmer nach dem Evolutionsalgorithmus laufend variiert wurde, blieb der zweite Krümmer als Bezugssystem unverändert. Die Druckdifferenz zwischen den beiden *Pitotrohr*-

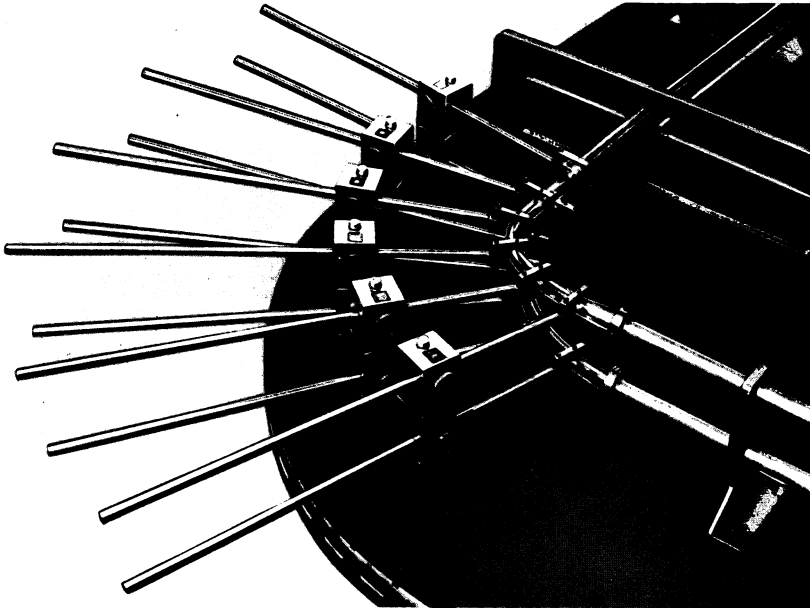


Bild 5. Versuchsaufbau – flexible Rohrumlenkung

ren zeigte jede Verbesserung oder Verschlechterung des variierten Krümmers an. Es wurden zwei Optimierungsversuche durchgeführt. In der Tabelle 3 sind die Krümmerformen in Polarkoordinaten (R, φ) angegeben. Das Bild 6 zeigt den zeitlichen Ablauf und das Bild 7 Anfangs- und Optimalform für das Experiment I.

Tabelle 3. Optimierungsergebnisse für den 90° -Rohrkrümmer

Anfang	φ [°] R [mm]	15,0 160	30,0 160	45,0 160	60,0 160	75,0 160	90,0 160
I Optimum	φ [°] R [mm]	14,5 165	28,5 172	42,0 176	56,0 170	69,0 150	85,0 138
II Optimum	φ [°] R [mm]	14,5 165	28,5 172	42,0 176	56,0 170	69,0 152	85,0 142

Die Lösung wäre einem Strömungstechniker vorher nicht bekannt gewesen. Während beim Viertelkreisrücker die Umlenkung mit einem plötzlichen Krümmungssprung beginnt, ist beim Optimalrücker eine von der Geraden an stetig zunehmende Krümmung vorhanden (Klothoide). Am Auslauf des Krümmers tritt deutlich eine kleine Krümmungsumkehr auf, deren Bedeutung noch nicht klar ist.

Es ist allgemein üblich, den Widerstand eines Krümmers in einen unvermeidbaren Reibungsanteil des geradlinig ausgestreckt gedachten Krümmers und in einen zusätzlichen Umlenkverlust durch Sekundärströmungen aufzuteilen. Beim Optimalrücker ist der Umlenkverlust gegenüber der Viertelkreisform um 10% kleiner geworden. Nimmt man die Reibung mit hinzu, so besitzt der Optimalrücker einen um etwa 2% geringeren

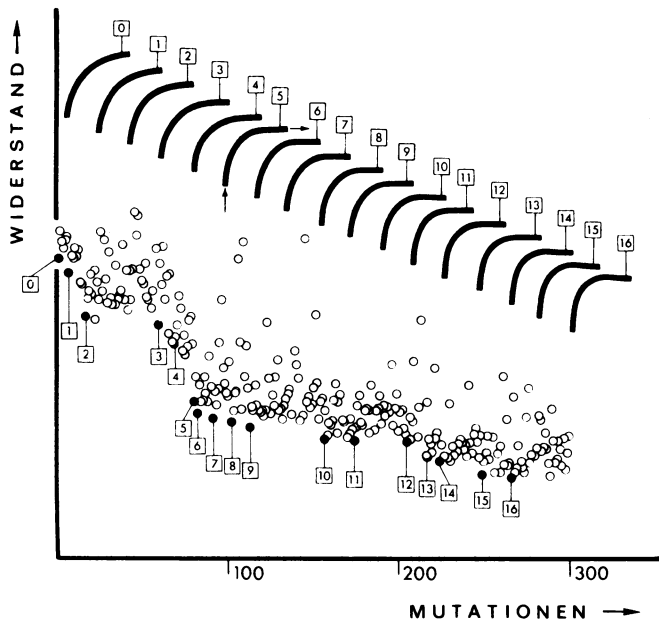


Bild 6. Verlauf der Optimierung des Rohrkrümmers

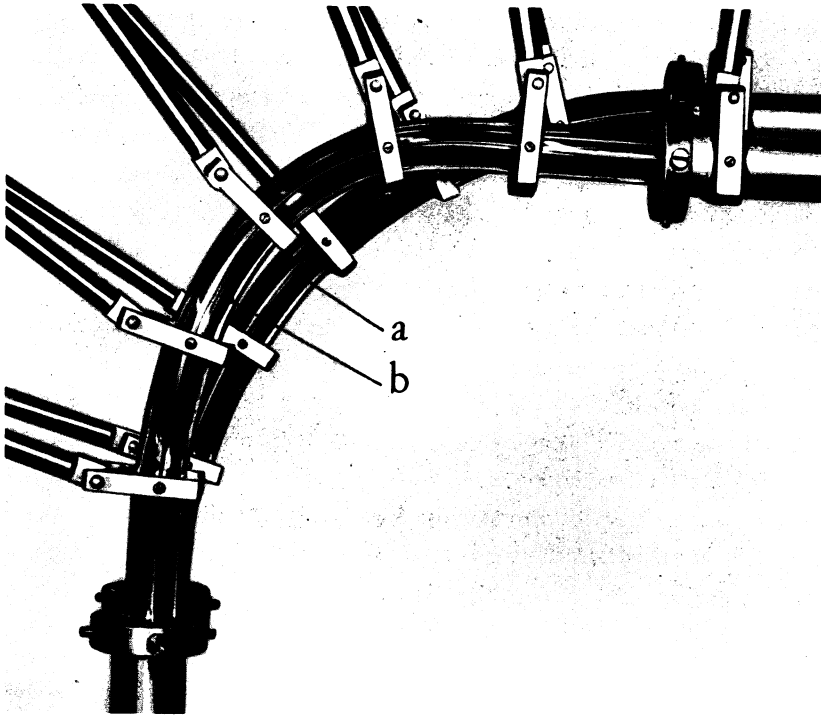


Bild 7. Anfangsform *a* und Optimalform *b* des Krümmers

Widerstand als die Viertelkreisform. Weil die Bogenlänge L des Krümmers sehr groß ist gegenüber dem Rohrdurchmesser D ($L/D = 31,4$), wird der Formgebungsgewinn von den Reibungsverlusten verdeckt. Das läßt vermuten, daß bei einem kleineren Verhältnis L/D , wie es in der Praxis üblich ist, eine Optimierung lohnender wäre.

H. P. Schwefel [10, 11] hat in einem weiteren Versuch eine Zweiphasen-Überschalldüse mit dem Mutations-Selektions-Verfahren optimiert. Diese Düse stellt ein wichtiges Teilstück für ein von der AEG projektiertes Kleinkraftwerk für Raumfahrzeuge dar, das nach dem magneto-hydrodynamischen Prinzip arbeitet [12]: In einem Kernreaktor wird flüs-

siges Kalium erhitzt und die Wärmeenergie anschließend in Strömungsenergie umgewandelt. Der Metallstrahl kreuzt danach ein elektromagnetisches Feld. Es entsteht – wie beim Asynchrongenerator – ein elektrischer Strom, der sich induktiv auskoppeln läßt. Die Beschleunigung des erhitzten Kaliums erfolgt in einer konvergent-divergenten Düse, in welcher der Druck soweit abgesenkt wird, bis die Flüssigkeit teilweise verdampft. Der expandierende Dampf bildet dann das Treibmittel für die verbleibende Flüssigkeit. Das Nebeneinander von Flüssigkeit und Dampf führt zu äußerst komplexen Strömungsvorgängen innerhalb der Düse. Eine Berechnung der günstigsten Düsenform ist gegenwärtig nicht möglich.

Nach einer Idee von *H. P. Schwefel* wurde für eine experimentelle Optimierung die rotationssymmetrische Düsenform aus Segmenten zusammengesetzt. Insgesamt standen 330 Segmente mit passend abgestuften konischen Innenbohrungen zur Verfügung. Damit lassen sich mehr als 10^{60} verschiedene Düsenformen ohne Sprünge in der Kontur zusammensetzen. Das Bild 8 zeigt den Versuchsaufbau.

Mit den Segmenten wurde als Ausgangsform eine rechnerisch ausgelegte

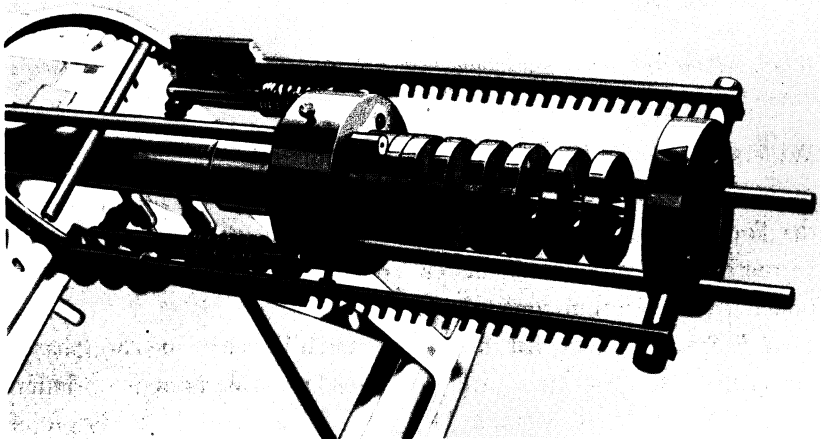


Bild 8. Versuchsaufbau – segmentierte Düse

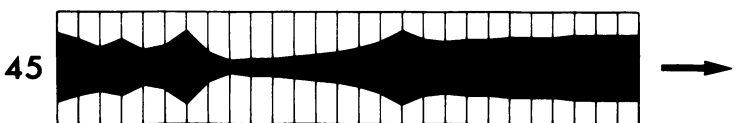
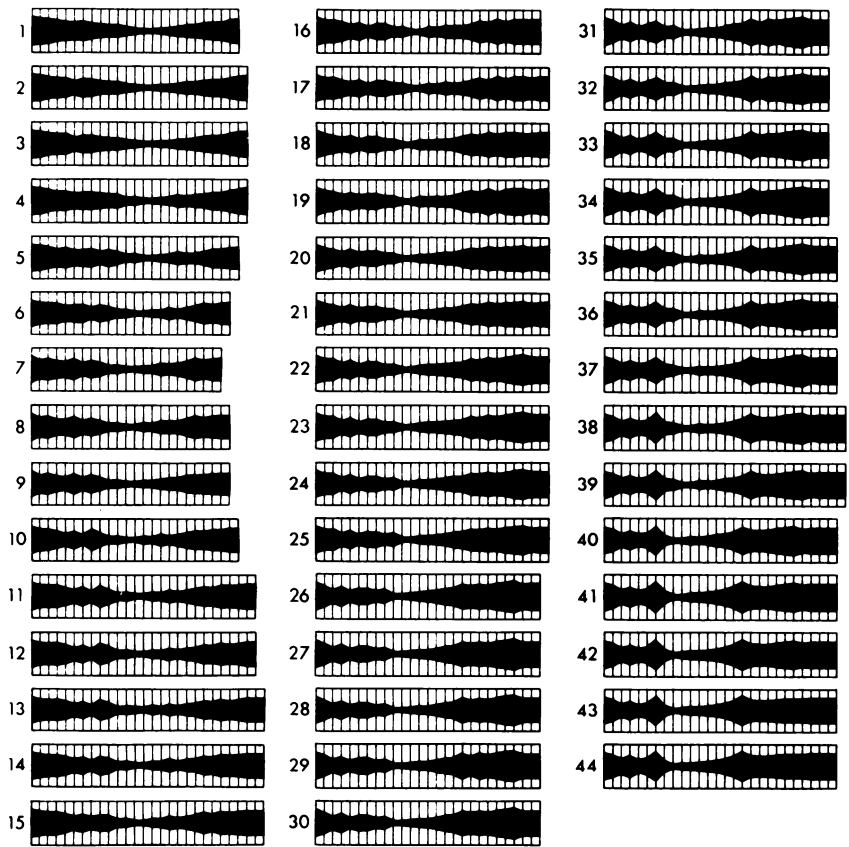
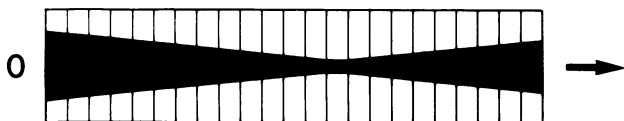


Bild 9. Entwicklung einer Zweiphasen-Überschalldüse von der Anfangsform 0 zur Optimalform 45

*Laval*düse mit einem besonders langen konvergenten Einlauf aufgebaut (Form 0 im Bild 9). Gesucht wurde diejenige Düsenform, bei der eine Wasser-Wasserdampf-Zweiphasenströmung als Modellmedium den maximalen spezifischen Impuls liefert.

Die Variation der Düse erfolgte in zweifacher Art. Erstens wurden an zufällig gewählten Stellen die Durchmesser der Düse abgewandelt. Um keine Durchmesser-Sprünge in der Düsenkontur entstehen zu lassen, wurden bei einer Durchmesservariation stets zwei nebeneinanderliegende Segmente ausgewechselt. Zweitens konnte aber auch die Zahl der Segmente verändert werden, indem an einer erwürfelten Stelle ein neues Segment zwischengesetzt oder ein vorhandenes Segment herausgenommen wurde. Dabei auftretende Durchmesser-Sprünge wurden auch hier ausgeglichen. Das Hinzufügen bzw. Wegnehmen von Segmenten ähnelt der Gen-Duplikation bzw. Gen-Deletion in der Natur (siehe Kapitel 8.2). Wie bei der biologischen Evolution wurden auch bei dem Optimierungsexperiment die Zahl der Segmente seltener variiert als die Durchmesser der Düse.

Das Bild 9 zeigt den zeitlichen Ablauf der Düsenoptimierung nach der Evolutionsstrategie mit erweitertem Mutationsmechanismus. In diesem Bild sind sämtliche erfolgreichen Zwischenformen der Düse dargestellt. Das Ergebnis des Experiments ist eine völlig unerwartete Düsenbestform mit ausgeprägten Kammern im konvergenten und divergenten Düsenteil (Form 45 im Bild 9). Der Wirkungsgrad der konischen Ausgangsform betrug 55%. Die nach der Evolutionsstrategie entwickelte Optimalform besitzt einen Wirkungsgrad von nahezu 80%. In der Tabelle 4 sind die geometrischen Daten der Anfangsform und der Optimalform der Düse zusammengestellt.

Es soll nicht unerwähnt bleiben, daß ausschließlich für das Experiment mit der Zweiphasen-Überschalldüse ein heizölgefeuerter *Babcock*-Dampfkessel im Kraftwerk der TU Berlin mit einer Dampfleistung von 5 Tonnen pro Stunde in Betrieb gesetzt werden mußte. Der Versuch war aus diesem Grunde recht kostspielig, so daß hier ein zweites Optimierungsexperiment leider nicht durchgeführt werden konnte.

Tabelle 4. Optimierungsergebnis für die Zweiphasen-Überschalldüse

L	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
D _{Anf}	32	30	28	26	24	22	20	18	16	14	12	10	8	6	6	8	10	12	14	16	18	20	22	24				
D _{Opt}	32	26	18	26	16	20	34	14	6	8	8	10	12	14	18	24	34	26	24	26	26	28	28	28	30	30	30	30

L [cm] = Längenkoordinate in Strömungsrichtung

D_{Anf} [mm] = Durchmesser der Anfangsform

D_{Opt} [mm] = Durchmesser der Optimalform

Während bei den vorangegangenen Experimenten stets strömungsgünstigste Körperformen gesucht wurden, handelt es sich beim nächsten Versuch um eine Aufgabe aus dem Gebiet der Regelungstechnik. Für einen Regelungstechniker ist der Verlauf der Regelgröße nach einer Störung wichtig. Das Überschwingen der Regelgröße sowie die Zeit zum Ausregeln der Störung sind unerwünschte Begleiterscheinungen des Regelvorganges. Um den Regelvorgang optimal zu gestalten, muß der Regler an die jeweilige Strecke erst angepaßt werden. Der universelle PID-Regler besitzt dafür drei Parameter. Es können

- die Verstärkung V,
- die Nachstellzeit T_N
- und die Vorhaltzeit T_V

eingestellt werden. Bei einfachen linearen Regelsystemen lassen sich die optimalen Parameter berechnen [13]. Um einen PID-Regler im Betrieb optimal einzustellen, gibt es Einstellregeln (z. B. nach Ziegler und Nichols). Doch weichen die Ergebnisse zuweilen erheblich vom wirklichen Optimum ab ([14], S. 34–37).

In einer pneumatischen Regelanlage sollte ein PID-Kreuzbalgeregler mit Hilfe des Mutations-Selektions-Verfahrens optimal eingestellt werden. Die Regelstrecke bestand aus fünf hintereinandergeschalteten Drossel-Speicher-Einheiten (Zeitkonstante jeder Einheit: T_S = 3s). Das Bild 10 zeigt das Schema des Versuchsaufbaus.

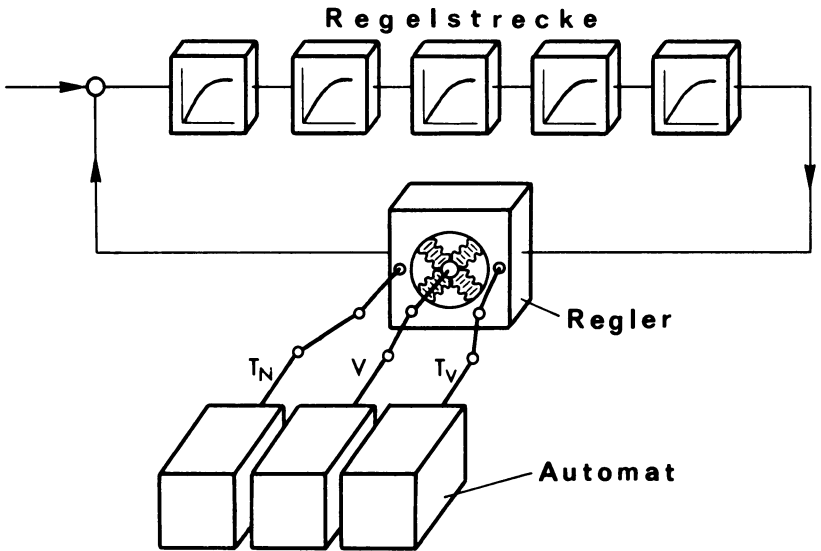


Bild 10. Versuchsschema – automatische Regleroptimierung

Während bei den vorangegangenen Experimenten stets ein Experimentator das Versuchsobjekt nach den Regeln der Evolutionsstrategie verstellen mußte, konnte die Optimierung des Reglers mit Hilfe eines von *P. Bienert* entwickelten Automaten erfolgen [15, 16]. Die im Automaten erzeugten Verstellbefehle (Mutationen) wurden dabei über Gelenkwellen auf die Justierschrauben des Reglers übertragen. Zur Bewertung der Regelgüte nach einer impulsförmigen Störung am Eingang der Strecke wurde das Integral über den Absolutwert der Regelabweichung gebildet, d. h. das Optimierungskriterium lautet:

$$\int_0^T |x_w| dt \rightarrow \text{Minimum} \quad (T = 100 \text{ s})$$

Die Integralbildung wurde nach Umformung des Drucksignals in eine elektrische Spannung auf einem Analogrechner vorgenommen.

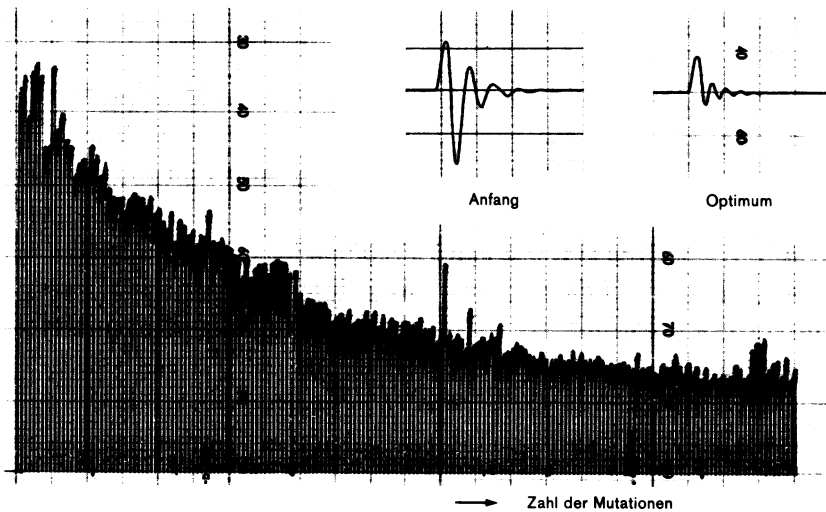


Bild 11. Automatische Optimierung eines pneumatischen PID-Reglers

Die selbsttätige Optimierung des direkt an einem Prozeß angeschlossenen Reglers mit Hilfe der Evolutionsstrategie wird durch folgenden Umstand erschwert: Es könnten Parameterwerte eingestellt werden, bei denen die Stabilitätsgrenze des Regelkreises überschritten wird. In diesem Fall muß verhindert werden, daß sich der Kreis unzulässig aufschwingt. Deshalb schaltet der Automat die Reglerparameter sofort zur letzten Best-einstellung zurück, sobald die Integration der Regelfläche einen Wert ergibt, der den bisherigen Minimalwert übersteigt. Das Bild 11 zeigt den zeitlichen Ablauf einer solchen automatischen Regleroptimierung sowie den Verlauf der Regelschwingung am Anfang und am Ende des Versuchs.

Der Automat läßt sich zur Lösung zahlreicher Optimierungsaufgaben heranziehen, vorausgesetzt, das Versuchsobjekt ist so hergerichtet, daß es über Drehknöpfe verstellt werden kann. Durch die Aufgliederung des Automaten in einzelne kettenförmig aneinandergereihte Bausteine wird erreicht, daß sich die Größe des Automaten genau nach der Zahl der zu verstellenden Parameter richten kann.

5. Folgerungen aus den Ergebnissen

Die Versuche haben gezeigt, daß sich die Evolutionsmethode bereits in der vereinfachten Version des zweigliedrigen Wettkampfschemas erfolgreich zur Optimierung technischer Systeme anwenden läßt. Genaugenommen ist die zwei- bzw. mehrgliedrige Wettkampfsituation aber kein Verfahren, das sich erst durch Evolution herausgebildet hat*). Die mehrgliedrige Wettkampfsituation entstand gleichsam von selbst, als sich chemische Strukturen – die Anfangsformen des Lebens – durch identische Selbstverdoppelung progressiv vermehren konnten. Denn bei diesem molekularen Kopierungsprozeß werden auch gelegentlich Fehler aufgetreten sein. Diese fehlerhaften Molekülkopien wurden eliminiert, wenn sie an Lebensleistung verloren; sie haben sich dagegen bevorzugt vermehrt – unter Beibehaltung des Fehlers – wenn die Lebensleistung anstieg.

Wenn aber das Mutations-Selektions-Prinzip nicht durch Evolution entstanden ist, dürfen wir dann die Nachahmung dieses Prinzips noch zur Arbeitsweise der Bionik rechnen? Ich möchte diese Frage bejahen. Es sollte uns nämlich gleichgültig sein, mit welchen Anfangswerten die Evolution startete. Uns interessiert einzig das Resultat der Entwicklung; und wenn das Urverfahren von Mutation und Selektion im Verlauf der Evolution nicht durch ein anderes Verfahren abgelöst wurde, so ist es schon deshalb einer Nachahmung wert.

Es gehört aber gewiß zur Arbeitsweise der Bionik, wenn wir z. B. als nächstes versuchen, Regeln des Crossing-over der Chromosomen in das einfache Mutations-Selektions-Verfahren einzufügen. Hier handelt es sich um einen Mechanismus, der kaum in den ersten lebensfähigen Molekülstrukturen vorhanden gewesen sein dürfte. Crossing-over der Chromosomen ist durch Evolution entstanden, und falls unsere Hypothese von der evolu-

*) Nach neuesten Untersuchungen (Simulation der Evolution des genetischen Codes auf einem Computer – siehe Kapitel 7.1) muß diese Auffassung revidiert werden. Der durch Evolution entstandene Code erzeugt – einer Binomialverteilung ähnlich – häufiger kleine Mutationsschritte als große. Die Verwendung binomialverteilter Zufallsschritte bei der Evolutionsstrategie bedeutet also, daß auch hier ein Ergebnis der biologischen Evolution kopiert wird.

tiven Höherentwicklung des Evolutionsprinzips stimmt, müsste sich der Wirkungsgrad der Evolutionsstrategie durch diesen Mechanismus verbessern. Wir wollen uns deshalb für den Teil B dieser Untersuchung die Aufgabe stellen, das biologische Evolutionsverfahren möglichst genau zu kopieren.



Höhere Nachahmungsstufen der biologischen Evolution

6. Modelldarstellung eines Entwicklungsvorganges in Biologie und Technik

Wir fragen jetzt: Wie müßte ein Ingenieur vorgehen, um z. B. auch ein Chromosomen-Crossing-over, eine Chromosomen-Inversion und eine dominante bzw. rezessive Vererbung technisch nachzubilden? Wir wollen ein Modell entwerfen, das geeignet ist, einen biologischen Evolutionsvorgang und einen technischen Entwicklungsprozeß in gleicher Weise zu beschreiben. Parallelbetrachtungen an diesem Modell werden uns dann helfen, die einzelnen Evolutionsmechanismen ingenieurstechnisch zu deuten.

6.1 Der technische Variablenraum

Betrachten wir als erstes die Tätigkeit eines Ingenieurs bei der Lösung einer Entwicklungsaufgabe. Sein Problem stellt sich etwa wie folgt dar: Für eine Maschine oder einen technischen Prozeß liegt eine Grundkonzeption vor. Die erste technische Realisierung dieser Idee weist Mängel auf. Der Ingenieur möchte die Konstruktion verbessern. Dazu muß er seinen Entwurf abändern. Aber auch die zweite Ausführung wird bei ihrer Erprobung noch nicht alle Erwartungen erfüllen. Der Ingenieur wird weitere Umkonstruktionen vornehmen müssen. Er wird eine dritte, vierte, fünfte, . . . Ausführung untersuchen.

Welche Größen verändert der Ingenieur dabei? Prinzipiell würde schon ein Umbau einzelner Moleküle das Objekt abwandeln. Doch wird ein Ingenieur, der eine Maschine baut, nicht in diesen Dimensionen ändern. Eine Ma-

schine setzt sich in seinem Denken nicht aus einzelnen Molekülen zusammen, sondern sie besteht aus einzelnen Bauelementen: aus Stäben, Platten, Rohren, Spulen, Magneten usw. Der Ingenieur sieht seine Aufgabe darin, das Zusammenspiel dieser Elemente aufeinander abzustimmen, so daß die Gesamtwirksamkeit des Systems in einem gewünschten Sinne optimal wird. Um das zu erreichen, ändert er an den Grundelementen jeweils nur einige charakteristische Merkmale, wobei die Funktionsidee der einzelnen Elemente erhalten bleibt. Es werden geometrische Abmessungen, physikalische Zustandsgrößen, Stoffeigenschaften und ähnliches abgewandelt. Variable Kenngrößen dieser Art werden als Parameter bezeichnet. Der Einstellzustand eines Parameters läßt sich gewöhnlich messen, z. B. die Länge eines Hebels in Metern, ein Gasdruck in Atmosphären, eine elektromagnetische Schwingung in Hertz usw.

Die Parameteränderungen können aber allein noch zu keinem Fortschritt führen. Der Ingenieur benötigt einen Maßstab, an dem er ablesen kann, ob er mit einer Parameteränderung dem Ziel nähergekommen ist oder nicht. Hat er z. B. den Auftrag, einen widerstandsarmen Strömungskörper zu entwickeln, so kann er den gemessenen Widerstand jeder untersuchten Form unmittelbar als Qualitätsmaß verwenden. Schwieriger ist es schon, ein Qualitätsmaß für das folgende Beispiel zu finden: Es soll eine Pumpe entwickelt werden, die vorwärts und rückwärts betrieben für große wie für kleine Fördermengen einen maximalen Wirkungsgrad besitzt. Hier müßte der Ingenieur nach jeder Konstruktionsänderung alle geforderten Betriebszustände der Pumpe nacheinander einstellen, die Wirkungsgrade messen und daraus einen Gesamtwirkungsgrad berechnen.

Wir stellen also fest: Jede Entwicklungsstufe eines technischen Objekts ist gekennzeichnet durch bestimmte Einstellwerte seiner Parameter und die daraus resultierende, vom Bewertungsschema abhängige Qualität. Wir wollen den Zusammenhang zwischen Parametereinstellung und Objektqualität geometrisch darstellen. Besitzt das Objekt nur einen Parameter, dann kann man ein Diagramm herstellen. Die Parameterskala ergibt die Abszisse, die Qualität die Ordinate. Der Zusammenhang zwischen beiden

Größen wird durch eine Kurve beschrieben. – Jetzt soll das Objekt zwei Parameter besitzen. Die beiden Parameterskalen bilden diesmal die Achsen eines kartesischen Koordinatensystems. Senkrecht zur Koordinatenebene werde die zu jeder Stellkombination der beiden Parameter gehörende Qualität aufgetragen. Es entsteht eine „Hügellandschaft“. – Wir gehen zu drei Parametern über. Drei Parameterskalen müssen zu einem räumlichen Koordinatensystem zusammengefügt werden. Wollten wir so verfahren wie bisher, dann müßten wir die zu jedem Raumpunkt gehörende Qualität als Strecke in die vierte Dimension auftragen. Da das nicht möglich ist, wollen wir uns vorstellen, daß eine Wolke mit veränderlicher Dichte den Raum ausfüllt. Eine hohe Dichte bedeute eine hohe Qualität, eine geringe Dichte eine geringe Qualität. – Dieses Modell läßt sich formal auf n Dimensionen erweitern. Wir wollen in diesem Fall von einem n -dimensionalen Qualitätsdichtefeld in einem n -dimensionalen Parameterraum sprechen.

Die Entwicklungstätigkeit eines Ingenieurs wird sich in diesem abstrakten Raum als ein Punktmuster widerspiegeln. Jeder Punkt kennzeichnet eine bestimmte Entwicklungsstufe. Eine erfolgreiche Entwicklung ist daran zu erkennen, daß die Punktfolge gegen den Raumpunkt mit maximaler Qualitätsdichte konvergiert.

Das Bild 12 veranschaulicht diesen Vorgang in drei Dimensionen. Die drei Raumrichtungen werden in diesem Beispiel durch eine Temperaturskala, eine Druckskala und eine Längenskala gebildet. Die Punkte stellen die verschiedenen Parametereinstellungen dar, die während der Entwicklung am Objekt erprobt wurden. Befolgt man beim Setzen dieser Punkte gewisse Regeln (siehe Kapitel 8), so konvergiert die Folge 1, 2, 3, . . . gegen den mit einem Fähnchen gekennzeichneten Raumpunkt mit maximaler Qualitätsdichte.

Läßt sich etwas Allgemeingültiges über das Qualitätsdichtefeld im Parameterraum aussagen? Die genaue Verteilung der Dichtewerte ist freilich unbekannt; sonst brauchte man das Optimum nicht erst zu suchen. Wir wissen aber, daß auf den Achsen des Parameterraumes die Zustände

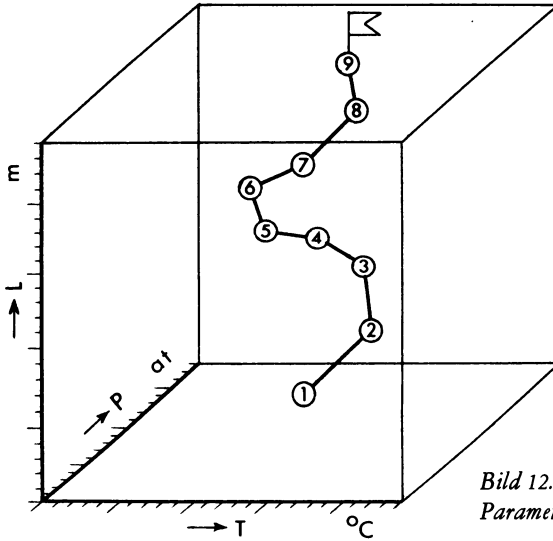


Bild 12. Entwicklungsweg im Parameterraum

der Variablen nach wachsendem Ausbildungsgrad aneinandergereiht sind (Eigenschaft einer technischen Maßskala). Kleine Wege im Parameterraum bedeuten daher kleine Veränderungen am technischen Objekt, und kleine Veränderungen am technischen Objekt haben erfahrungsgemäß eine geringere Wirkung zur Folge als große. Es läßt sich deshalb eine gewisse lokale Ordnung der Qualitätswerte im Parameterraum vorhersagen. Innerhalb kleiner Raumbereiche wird sich die Qualitätsdichte nur beschränkt ändern.

Von dieser Tatsache macht jeder Ingenieur Gebrauch, wenn er Meßwerte in einem Diagramm aufträgt. Er legt die Meßpunkte nicht unendlich dicht, was auch unmöglich wäre, sondern er nimmt vernünftigerweise an, daß sich der Bereich zwischen zwei benachbarten Punkten durch eine glatte Kurve interpolieren läßt.

Wir betonen diese allgemein bekannte Tatsache deshalb, weil es entscheidend von der Glattheit der Qualitätsdichteverteilung im Parameterraum abhängt, ob die Evolutionsstrategie innerhalb einer vernünftigen Zeitspanne konvergiert oder nicht. Zu diesem Ergebnis werden wir im theoretischen Teil dieser Untersuchung kommen.

Es ergibt sich nun die Frage: Läßt sich auch im biologischen Bereich ein Variablenraum konstruieren, in dem – analog zum Qualitätsdichtefeld im Parameterraum – ein hinreichend glattes Tauglichkeitsdichtefeld vorhanden ist? Falls das gelingt, müßte die stammesgeschichtliche Entwicklung eines Lebewesens auch in diesem Raummodell ein konvergierendes Punktmuster bilden. Wir müssen dann nur noch herausfinden, nach welchen Regeln im biologischen Variablenraum die Punkte neu gesetzt bzw. gestrichen werden, um den gleichen Vorgang im technischen Parameterraum nachzuvollziehen.

6.2 Der biologische Variablenraum

Zunächst wollen wir folgendes festhalten: Der technische Parameter ist kein a priori vorhandenes Materiegebilde am technischen Objekt, sondern er ist eine Denkeinheit des Ingenieurs. Diese Denk- bzw. Informationseinheit bestimmt über einen Code, den wir eine Maßskala nennen, den Zustand eines Materiebereiches am technischen Objekt. Folglich müssen wir das biologische Analogon zum technischen Parameter im Bereich der genetischen Informationsstrukturen suchen.

Der Organisationsplan eines Lebewesens ist in seinen Chromosomen enthalten. Die Erbinformation wird dort in langgestreckten Molekülen aus Desoxyribonukleinsäure (DNS) linear niedergeschrieben, wobei vier Molekülarten, die Nukleotidbasen Adenin (A), Thymin (T), Guanin (G) und Cytosin (C) als Buchstaben fungieren [17, 18, 19]. Nach dem *Watson-Crick*-Modell bilden zwei Polynukleotidstränge eine Doppelspirale, wobei sich aus räumlichen Gründen stets die Basen A-T sowie G-C gegenüberstehen. Die Doppelstruktur ist für die identische Selbstverdoppelung des DNS-Moleküls notwendig. Die genetische Information wird dagegen nur an einem Spiralenstrang abgelesen.

Seit der Entdeckung des genetischen Codes weiß man, daß jeweils drei aufeinanderfolgende Nukleotidbasen im DNS-Strang ein Codewort für

eine bestimmte Aminosäure bilden (Bild 14). So bedeutet z. B. das Triplet CCG die Aminosäure Glycin, das Triplet GCA die Aminosäure Arginin usw. Die Information wird realisiert, indem von einem Teil des DNS-Stranges eine transportable Kopie aus sogenannter Boten-RNS angefertigt wird. Die Boten-RNS wandert dann aus dem Zellkern ins Zellplasma. Dort wird die Sprache der Nukleotidbasen in die Sprache der Aminosäuren übersetzt. Die Aminosäuren werden in der Reihenfolge, in der sie im DNS-Strang codiert sind, zu einer Kette zusammengefügt. Anfang und Ende dieser Kette werden ebenfalls durch Codeworte bestimmt. Man bezeichnet den Abschnitt des DNS-Stranges, der die Information für eine solche Polypeptidkette enthält, als Gen. Ein Gen setzt sich durchschnittlich aus 1000 Nukleotidbasen zusammen.

Die Polypeptidkette bildet die Grundstruktur der Proteine. Die Kette bleibt nicht als ein einzelner ausgestreckter Faden bestehen. In der Regel faltet sie sich aufgrund molekularer Wechselwirkungen zwischen den einzelnen Aminosäuren räumlich zusammen [20, 21, 22]. Es bilden sich Makromoleküle mit speziell geformten Vertiefungen in der Oberfläche, in die andere Moleküle passend eingelagert und energetisch so abgewandelt werden, daß sie chemisch beschleunigt reagieren (Enzymwirkung). – Oder es entstehen Makromoleküle mit bestimmten elektrostatischen Ladungsmustern auf der Oberfläche. Proteinmoleküle mit komplementären Ladungsmustern lagern sich bausteinförmig zu größeren Strukturen zusammen (Membranen). – Schließlich können sich auch mehrere Polypeptidketten ohne vorherige Faltung zu einer dicken Faser zusammenlegen (Stütz- und Bindegewebe).

Zusammenfassend läßt sich sagen: In den Genen ist die Information für spezifisch geformte Makromoleküle verschlüsselt. Die Reihenfolge der Aminosäuren in den von der Boten-RNS synthetisierten Polypeptidkette bestimmt eindeutig Form und Eigenschaften des Proteinmoleküls. Am Ende eines komplizierten Netzwerkes von Genwirkungen werden schließlich alle morphologischen, physiologischen und psychischen Eigenschaften eines Lebewesens ausgebildet.

Betrachten wir nun alle möglichen Abänderungen der genetischen Information. Die kleinste Variation besteht offensichtlich darin, daß an einer Stelle des DNS-Stranges eine Nukleotidbase herausgenommen, neu eingefügt oder gegen eine andere Base ausgetauscht wird. Da die Nukleotidbasen-Schrift eines Gens von einem Startzeichen an fortlaufend in Dreiergruppen abgelesen wird, führt das Hinzufügen oder Wegnehmen einer Base, sofern es nicht am Gen-Ende erfolgt, zu einer völlig sinnentstellten Nachricht. Wir wollen diese Art der Variation deshalb nicht weiter betrachten, da sie vermutlich für die Evolution von untergeordneter Bedeutung ist. (Die Frage, wie sich die DNS-Menge der Lebewesen im Verlauf ihrer Geschichte dann überhaupt vergrößern konnte, ist wohl so zu beantworten, daß sich einzelne Gene verdoppelt und eigenständig weiterentwickelt haben [23]).

Wir wollen annehmen, es befänden sich n Nukleotidbasen im abgelesenen Strang einer DNS-Doppelspirale. Die Erbinformation werde nur durch Auswechseln der Basenarten abgeändert. Dann bildet jede Nukleotidstelle dieses Stranges einen genotypischen Freiheitsgrad mit den vier Einstellstufen G, A, T, C. Wir wollen die Freiheitsgrade wieder durch Achsen eines rechtwinkligen Koordinatensystems darstellen. Die Nukleotidstellen des DNS-Stranges werden – von einer Anfangsstelle beginnend – von 1 bis n durchnummeriert und entsprechend gekennzeichneten Koordinatenachsen zugeordnet. Auf jeder Achse markieren wir in gleichbleibenden Abständen die vier Basenarten, z. B. in der Reihenfolge G, A, T, C. Dadurch, daß jede Achse nur vier Schaltpunkte besitzt, entsteht ein Raum mit diskreten Zustandspunkten. Da eine willkürliche Begrenzung des Raumes nicht sinnvoll erscheint, wollen wir uns die Nukleotidbasen-Markierungen auf den Achsen periodisch fortgesetzt denken. Wir betrachten aber nur eine Periode. Jeder Gitterpunkt innerhalb dieser Periode beschreibt eine mögliche Kombination von n Nukleotidbasen. Beim Menschen, der nach neuesten Schätzungen $3 \cdot 10^9$ Nukleotidbasen im einfachen Chromosomensatz besitzt, würde dieser abstrakte Raum aus $4^3\,000\,000\,000$ (vier hoch drei Milliarden) Gitterpunkten bestehen.

Stellen wir uns in Gedanken vor, die genetische Information jedes Gitterpunktes würde realisiert. Voraussichtlich wird zu den meisten Punkten überhaupt kein lebensfähiges Endprodukt gehören. Betrachten wir die Menge der Basenkombinationen, die einen lebensfähigen Organismus ergibt. Auch diese Organismen werden unter den gegebenen Umweltbedingungen sehr unterschiedliche Überlebens-Chancen aufweisen.

Voranehend hatten wir den technischen Variablenraum, den Parameterraum, mit einer Qualitätsdichte ausgefüllt, welche die Bewertung des Ingenieurs wiedergab. Wir wollen jetzt annehmen, daß sich der biologische Variablenraum, der Nukleotidraum, entsprechend Punkt für Punkt mit einer Tauglichkeitsdichte belegen läßt, die den Überlebenswert der dazugehörigen Lebensformen in einer unveränderlich vorgegebenen Umwelt richtig widerspiegelt. Basenkombinationen, aus denen sich keine lebensfähigen Organismen entwickeln können, sollen in unserem Modell die Tauglichkeitsdichte Null erhalten.

Ähnlich wie ein technischer Entwicklungsprozeß im Parameterraum ein räumlich konvergierendes Punktmuster ergab, so wird auch ein biologischer Evolutionsvorgang im Nukleotidraum eine Punktfolge bilden, die zum Zustand maximaler Tauglichkeitsdichte strebt. Das Bild 13 veranschaulicht diesen Vorgang für drei Dimensionen. Die Nukleotidbasenkombination mit maximaler Tauglichkeit sei wieder durch ein Fähnchen gekennzeichnet. Beim Betrachten dieses Bildes dürfen wir jedoch nicht vergessen, daß der Variablenraum für ein höheres Lebewesen nicht drei, sondern über eine Milliarde Dimensionen aufweist.

Wir müssen nun auf einen Unterschied aufmerksam machen, der zwischen dem Parameterraum und dem Nukleotidraum besteht. Der Parameterraum besitzt viele (bei kontinuierlicher Verstellbarkeit der Parameter theoretisch sogar unendlich viele) Schaltstellungen auf einer Achse. Daraus folgt: Man kann alle Parameter eines technischen Objekts abändern und dabei dennoch nur eine kleine Strecke im Parameterraum zurücklegen. Die Komponenten des Gesamtschrittes – das sind die einzelnen Parameteränderungen – lassen sich ja beliebig klein machen.

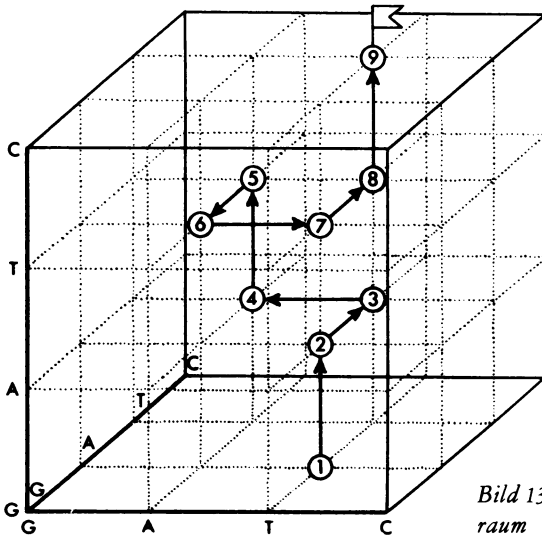


Bild 13. Evolutionsweg im Nukleotidraum

Im Nukleotidraum gibt es aber nur vier Schaltstellungen auf jeder Achse. Das hat zur Folge, daß ein kleiner Schritt im Nukleotidraum, der sich zugleich aus vielen Komponenten zusammensetzt, nicht möglich ist; denn die Komponenten eines solchen Schrittes lassen sich nicht beliebig klein machen. Um eine kleine Strecke im Nukleotidraum zurückzulegen, gibt es nur die Möglichkeit, weniger Nukleotidbasen abzuändern.

Erinnern wir uns: Das Modell des Parameterraumes erhielt seine Bedeutung dadurch, weil sich voraussagen ließ, daß die Qualitätswerte in diesem Raum eine gewisse Ordnung erfahren. Innerhalb einer kleinen kugelförmigen Umgebung im Parameterraum ändert sich die Qualitätsdichte nur beschränkt. Gelten nun für die Tauglichkeitswerte im Nukleotidraum ähnliche Ordnungsbeziehungen? Oder sind die Tauglichkeitswerte hinsichtlich ihrer Größe wahllos im Nukleotidraum durcheinander gewürfelt?

Tatsächlich existiert ein sehr einfacher Zusammenhang zwischen der Entfernung zweier Punkte im Nukleotidraum und der zugehörigen Tauglichkeitsänderung. Um das zu erkennen, wollen wir von der Wirklichkeit

etwas abgehen und statt vier nur drei Nukleotidbasen als genetische Schriftzeichen verwenden. Es sei angenommen, daß sich das Ergebnis dieser Betrachtung bei Hinzunahme einer vierten Base nicht wesentlich ändert.

Das Vorhandensein von nur drei Nukleotidzeichen bedeutet, daß die Achsen des Nukleotidraumes nur drei Schaltpunkte aufweisen. Bei drei verschiedenen Schaltpunkten auf der Achse hat jeder Punkt die beiden anderen unmittelbar zum Nachbarn, vorausgesetzt, daß sich die Punktmarkierungen periodisch wiederholen. Wir wollen annehmen, die Punkte besäßen die Abstände 1 voneinander. Unser Raummodell besitzt dann folgende topographische Eigenschaften. Ein beliebig herausgegriffener Punkt besitzt:

im Abstand $\sqrt{1}$:	$2^1 \frac{n!}{1!(n-1)!}$	Nachbarpunkte,
im Abstand $\sqrt{2}$:	$2^2 \frac{n!}{2!(n-2)!}$	Nachbarpunkte,
im Abstand $\sqrt{3}$:	$2^3 \frac{n!}{3!(n-3)!}$	Nachbarpunkte

usw. Dabei werden die Punkte mit dem Abstand 1 durch Austausch einer Nukleotidbase, die Punkte mit dem Abstand $\sqrt{2}$ durch Austausch von zwei Nukleotidbasen, die Punkte mit dem Abstand $\sqrt{3}$ durch Austausch von drei Nukleotidbasen usw. erreicht.

Betrachten wir die Wirkung eines Basenaustausches. Es ergibt sich die Folge: Austausch einer Nukleotidbase \rightarrow Abänderung eines Codewortes \rightarrow Einbau einer anderen Aminosäure in die Polypeptidkette \rightarrow Änderung der Faltung des Proteinmoleküls \rightarrow Abwandlung der Eigenschaften des Proteinmoleküls \rightarrow Tauglichkeitsänderung des Lebewesens. Damit ist klar, daß der Austausch vieler Nukleotidbasen im Mittel zu einer größeren Tauglichkeitsänderung führen wird als der Austausch nur einer Base. Wir können deshalb für die Tauglichkeitsdichteverteilung im Nukleotidraum kleine Änderungen bei kleinen Raumdistanzen und große Änderungen bei großen Raumdistanzen postulieren.

Die Größe der Faltungsänderung eines Proteinmoleküls hängt aber nicht nur davon ab, wieviele Aminosäuren ausgetauscht werden. Ebenso wichtig für die zu erwartende Faltungsänderung ist, welche Aminosäure gegen welche ausgetauscht wird. Besitzt die ausgetauschte Aminosäure ähnliche chemische Eigenschaften wie die ursprüngliche, so wird sich die Faltung des Proteinmoleküls vermutlich nur geringfügig ändern. Umgekehrt erwartet man eine große Faltungsänderung, wenn die neue Aminosäure gegenüber der vorher vorhandenen chemisch sehr verschieden ist.

Wir überlegen uns jetzt folgendes: Ein Nukleotidbasen-Triplett kann durch Auswechseln einer einzelnen Base neun verschiedene Abwandlungen erfahren. Es hängt vom Aufbau des genetischen Codes ab, welche Aminosäuren zu diesen neun einander ähnlichen Codeworten gehören. Angenommen, ähnliche Codeworte würden in Aminosäuren ähnlichen chemischen Aufbaus übersetzt; dann würde die Tauglichkeitsfunktion im Nukleotidraum abermals geglättet, d. h. die Tauglichkeitsänderungen in den Achsrichtungen des Nukleotidraumes wären im Mittel am kleinsten.

Es ist faszinierend, daß der genetische Code tatsächlich diese Eigenschaft besitzt. Die zwischen den Aminosäure-Seitenketten wirksamen molekularen Faltungskräfte lassen sich grob wie folgt einteilen [22, 24, 25, 26]:

- a) Anziehung durch *van der Waals*-Kräfte,
- b) Anziehung zwischen Molekül-Dipolen (H-Brücken),
- c) Anziehung zwischen ionisierten Atomgruppen.

Wir fassen die Aminosäuren *) gleicher Bindungseigenschaft zu Gruppen zusammen (Tabelle 5) und bestimmen deren Codeworte (Bild 14). Wir notieren die möglichen Abwandlungen dieser Codeworte, die sich durch Austausch einer Nukleotidbase ergeben. Dann ermitteln wir – für jede Gruppe getrennt – die zu den Codewort-Abwandlungen gehörenden Aminosäuren. Von diesen Aminosäuren wird ein bestimmter Prozentsatz wieder in die gleiche Bindungsgruppe fallen, von der wir ausgegangen sind. Wir vergleichen diesen Prozentsatz mit dem Erwartungswert, der sich

*) Die Aminosäuren sind durch die international gebräuchlichen Abkürzungen gekennzeichnet.

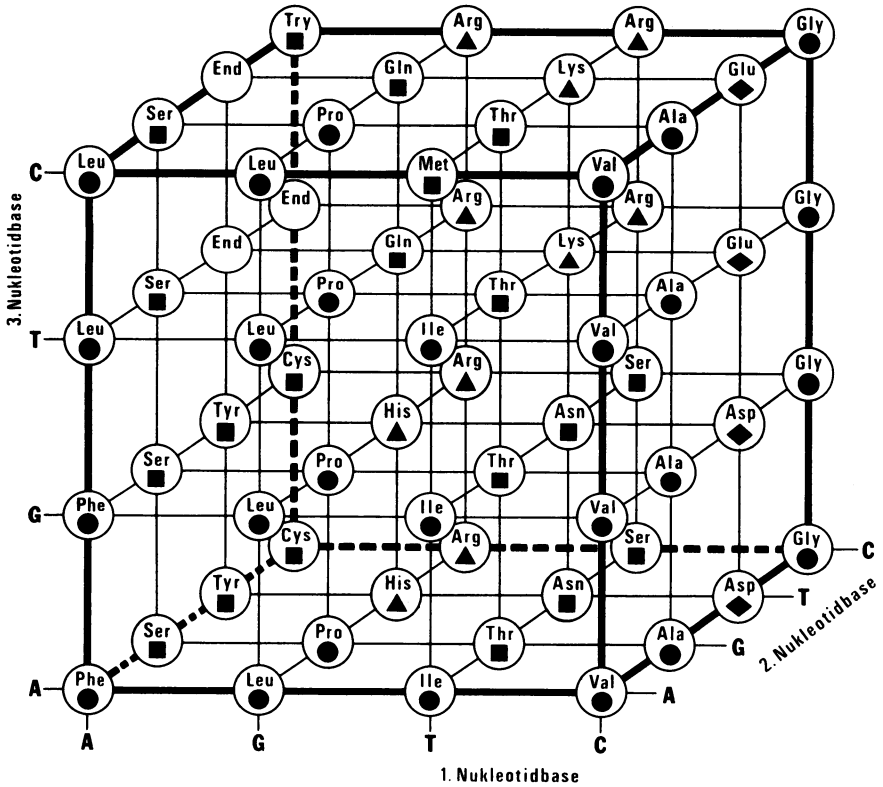


Bild 14. Gruppierung ähnlicher Aminosäuren im genetischen Code

formal dadurch ergibt, daß wir die gleiche Betrachtung für alle denkbaren Codes durchführen und daraus den Mittelwert bilden. Die Tabelle 5 zeigt das Ergebnis dieser Rechnung.

Für den genetischen Code gilt demnach die Regel: Das Abändern einer Nukleotidbase in einem Codewort ergibt bedeutend häufiger als erwartet gerade ein solches Codewort, dessen zugeordnete Aminosäure der gleichen Bindungsgruppe angehört wie die zum Ausgangswort gehörige. Mit anderen Worten: Ähnliche Codeworte codieren vorzugsweise ähnliche Aminosäuren. Auf diese Tatsache haben bereits mehrere Autoren aufmerksam gemacht

Tabelle 5. Aminosäure-Übergänge bei Abwandlung einer Base im Codewort

Gruppen der Aminosäuren	Gruppen-Zeichen	Gemeinsame Eigenschaft	Übergänge in gleiche Gruppe	
			gen. Code	erwartet
Ala Val Leu Ile Phe Pro Gly	●	<i>van der Waals</i>	65,8%	41,3%
Cys Ser Thr Gln Asn Tyr Try Met	■	Dipole	45,6%	30,2%
Lys Arg His	▲	+ Ionen	33,3%	14,3%
Glu Asp	◆	- Ionen	33,3%	4,8%

[19, 22, 27, 28]. Uns interessiert die Wirkung: Durch den besonderen Aufbau des genetischen Codes werden Schwankungen der Tauglichkeitswerte im Nukleotidraum vermindert. Die Vermutung liegt nahe, daß eine geglättete Tauglichkeitsfunktion für die Evolution der Organismen von Vorteil war.

7. Zwischenbetrachtung zur Konvergenz des Mutations-Selektions-Prinzips

7.1 Der optimale Code

Das nachfolgend beschriebene Experiment, das den Einsatz eines Rechenautomaten erfordert, zeigt, wie wichtig die Struktur eines Codes ist, damit sich ein evolutionsfähiges System ergibt. Um die Grundidee dieses Versuchs zu verdeutlichen, führen wir zunächst ein Gedankenexperiment durch. Das Versuchsobjekt sei eine Gelenkplatte, wie wir sie im Kapitel 4 kennengelernt haben. Wir ändern die Versuchsanordnung so ab, daß jedes Gelenk statt 51 nur 20 Einraststufen erhält (20 Aminosäuren = 20 Winkelstellungen).

Wir codieren diese 20 Winkelstellungen durch dreistellige Worte eines quaternären Zahlensystems, d. h. wir schreiben z. B.:

1. Wort 111 = 14°,
2. Wort 112 = 2°,
3. Wort 113 = 10°,
-
-
-
64. Wort 444 = 17°.

Durch welches Codewort (bzw. Codeworte) ein bestimmter Winkel verschlüsselt wird, bestimme der Zufall. Jetzt führen wir mit der Gelenkplatte das Mutations-Auslese-Spiel durch, wobei diesmal nicht unter Verwendung normalverteilter Zufallszahlen direkt die Winkelgrade, sondern einzelne Zeichen der zugehörigen Codeworte abgewandelt werden. Eine Codewort-Änderung ergibt dann erst über die Code-Tabellè die am Objekt vorzunehmende Winkeländerung. Wir messen die Zahl der Mutationschritte, die benötigt wird, um die optimale Gelenkplattenform zu finden. Nun können wir das Optimierungsexperiment mit einer abgeänderten Code-Tabelle wiederholen. Es interessiert dabei die Frage, ob es einen Code gibt, der schneller als ein Zufallscode zum Optimum führt.

Nun dauert ein manuell durchgeführtes Optimierungsexperiment mit der Gelenkplatte etwa 5 Stunden. Um einen zuverlässigen Mittelwert für die Konvergenzgeschwindigkeit eines Codes zu erhalten, muß das Experiment oftmals wiederholt werden. Danach erst kann ein zweiter, dritter, . . . Code ausprobiert werden. Das bedeutet aber, daß sich dieses Experiment wegen des zu großen Zeitaufwandes so nicht durchführen läßt. Die Suche nach dem optimalen Code muß deshalb auf einem Rechenautomaten durchgeführt werden. Dazu müßten wir das Widerstandsgesetz $W(\varphi_1, \varphi_2, \dots, \varphi_5)$ als Formel zur Verfügung haben. Dieses Gesetz ist aber nicht bekannt. Könnten wir dann vielleicht eine andere Funktion wählen? Ich möchte diese Frage bejahen. Um die Konvergenzgeschwin-

digkeit eines Codes zu testen, sollte es genügen, eine Funktion zu wählen, die das Verhalten eines optimierbaren technischen Objekts widerspiegelt. Das sind Funktionen, die im Parameterraum einen hinreichend glatten Verlauf aufweisen und mindestens einen Extremwert besitzen. Eine einfache Funktion, die diese Bedingung erfüllt, ist

$$F = (a_1 - x_1)^2 + (a_2 - x_2)^2 + \dots + (a_n - x_n)^2$$

$$\begin{matrix} a_1 = \{1, \dots, 20\} \\ \vdots \\ a_n = \{1, \dots, 20\}. \end{matrix}$$

Ich habe diese Funktion für das erste Experiment, das übrigens auch für einen schnellen Rechenautomaten äußerst langwierig ist, ausgewählt. Damit lautet die Aufgabe: Es soll für zufällige Werte a_1 bis a_n das Minimum der Funktion F durch Mutation und Auslese aufgesucht werden. Welcher Code löst diese Aufgabe mit den wenigsten Mutationsschritten?

Die schnellste Minimierung von F ergab der im Bild 15 dargestellte Code. Charakteristisch für diesen Optimalcode sind die Mäander, die sich beim Durchlaufen der Zahlen in der Reihenfolge 1 bis 20 ergeben. Der folgende Vergleich zeigt, wie überlegen dieser Mäandercode dem Zufallcode an Konvergenzgeschwindigkeit ist. Nach 100000 Mutationen ergibt sich mit $n = 1000$ für den Funktionswert \bar{F} (gemittelt über 100 Versuche)

bei einem Zufallcode $\bar{F} = 940$
 und beim Mäandercode $\bar{F} = 2,0$.

Die Mäanderform für einen optimalen Code wurde wie folgt erhalten: Es wurde von einem Zufallcode ausgegangen; die Zahlen 1 bis 20 sind also zu Beginn der Optimierung gleichwahrscheinlich über die Kreuzungspunkte des Würfelgitters im Bild 15 verteilt. Nun wird die Funktion F durch Mutation und Auslese minimiert. Der Code bleibt dabei unverändert. Wir merken uns den Funktionswert nach 100000 Mutationen. Dann werden die Konstanten a_1 bis a_n abgeändert, so daß das Minimum der Funktion an eine andere Stelle rückt. Würde man das Minimum nicht verschieben, so könnte es sein, daß sich derjenige Code als optimal herausbildet, der

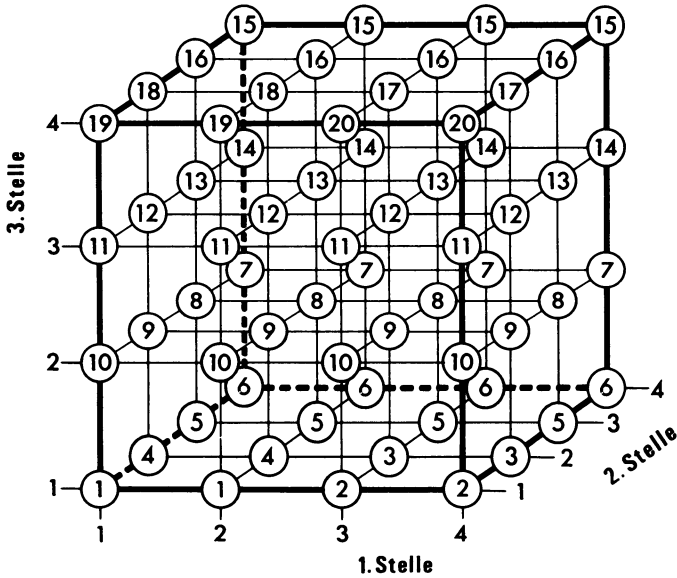


Bild 15. Der Mäandercode

für die Parameterwerte an dieser Stelle möglichst viele Codeworte bereithält. Mit neuen Anfangswerten der Variablen x_1 bis x_n (bzw. genauer mit deren Codeworten) wird nun F ein zweites Mal minimiert. Nach 100 Wiederholungen erhalten wir den Mittelwert \bar{F} . Jetzt wird in dem Würfelgitter eine Zahl zufällig abgeändert und \bar{F} für diesen neuen Code ermittelt. Derjenige Code, der den kleineren Wert von \bar{F} aufweist, überlebt und wird weiter verwendet.

Dieses Mutations-Selektions-Spiel am Code führte aber nicht unmittelbar zu der idealen Mäanderform. Der Optimierungsprozeß blieb vorher stecken. Man konnte lediglich in Teilbereichen des Würfelgitters eine Mäanderbildung erkennen. Die ideale Mäanderform des Optimalcodes entstand durch eine gedankliche Extrapolation dieser Optimierungsergebnisse. Ein besserer Code konnte bisher nicht gefunden werden.

7.2 Tauglichkeitsdichtefeld und Phylogenie

Eine naturwissenschaftliche Theorie beruht auf Beobachtungen, die mit Hilfe der mathematischen Logik miteinander in einen widerspruchsfreien Zusammenhang gebracht werden. Die stammesgeschichtliche Entwicklung der Lebewesen ist durch Beobachtungstatsachen (fossile Funde, vergleichende Anatomie, chemische Paläogenetik u. a.) hinreichend belegt. Noch fehlt aber eine befriedigende mathematische Theorie, mit der sich beweisen läßt, daß die bekannten Evolutionsfaktoren ausreichen, um ein komplexes Organ – wie z. B. das Wirbeltierauge – in der verfügbaren erdgeschichtlichen Zeitspanne hervorzubringen. Die Tatsache, daß es dafür noch kein nachprüfbares mathematisches Modell gibt, hat zur Folge, daß immer wieder Zweifel geäußert werden, ob die bekannten Evolutionsfaktoren überhaupt ausreichen, die Phylogenie verständlich zu machen. Es werden folgende Einwände erhoben [29, 30].

1. Das DNS-Molekül besitzt nahezu unendlich viele Kombinationsmöglichkeiten für die vier Nukleotidbasen. Nur ein infinitesimaler Bruchteil davon kann im Laufe der Erdgeschichte einmal realisiert worden sein. Die Wahrscheinlichkeit, darunter eine zufällige Neukombination der Basen zu finden, die ein besser an die Umwelt angepaßtes Lebewesen ergibt, ist praktisch gleich Null.
2. Für eine erfolversprechende Abwandlung des Bauplanes eines Lebewesens müssen unter Umständen mehrere Merkmalsänderungen harmonisch zusammenwirken. Es ist dann sehr unwahrscheinlich, daß durch Zufall die passenden Mutationen gerade zusammen in einem DNS-Molekül auftreten.

Diese beiden Vorstellungen setzen eine bestimmte Form des Tauglichkeitsdichtefeldes im Nukleotidraum voraus. Die erste Vorstellung geht davon aus, daß die Tauglichkeitswerte keinerlei Ordnung im Nukleotidraum aufweisen. Um zur Stelle maximaler Tauglichkeitsdichte zu gelangen, müßten dann tatsächlich sämtliche Punkte im Nukleotidraum

durchmustert werden. – Die zweite Vorstellung nimmt an, daß die Tauglichkeitsdichte im Nukleotidraum zwar eine Ordnung aufweist, die jedoch durch lokale Dichteschwankungen stark gestört ist. Das bedeutet, daß normalerweise nur ein größerer Sprung im Nukleotidraum (Abänderung mehrerer Nukleotidbasen) zu einem Punkt höherer Tauglichkeitsdichte führen kann. Demgegenüber wurde im vorangegangenen Kapitel die Vorstellung entwickelt:

Das Tauglichkeitsdichtefeld im Nukleotidraum ist annähernd glatt. Es gibt einen kontinuierlich ansteigenden Pfad vom kleinen über den mittleren zum großen Tauglichkeitswert. Um einen solchen linienhaften Pfad zu durchschreiten, genügt die Verwirklichung eines infinitesimalen Bruchteils aller möglichen Schaltkombinationen des DNS-Moleküls.

Das Modell des Tauglichkeitsdichtefeldes im Nukleotidraum könnte einen Ansatz für eine mathematisch begründete Theorie der Evolution ergeben. Das Problem, welche Geschwindigkeit die biologische Evolution erreichen kann, führt dann zu der Frage: Wie geordnet sind die Tauglichkeitsdichtewerte im Nukleotidraum? Die vorangegangenen Betrachtungen haben gezeigt, daß es durchaus möglich ist, qualitative Aussagen über den Ordnungszustand des Tauglichkeitsdichtefeldes zu machen. Für eine zukünftige Theorie müßte versucht werden, ein quantitatives Maß für den Ordnungsgrad der Tauglichkeitswerte im Nukleotidraum anzugeben. Damit würde es möglich, an einer mathematischen Modellfunktion mit einem ähnlichen Ordnungsgrad der Funktionswerte im Variablenraum die Geschwindigkeit einer evolutiven Entwicklung zu berechnen.

Zusammengefaßt: Grundgedanke dieser Theorie ist, bereits mit einer Teilkenntnis der Eigenschaft einer Tauglichkeitsfunktion eine Aussage über die Evolutionsfähigkeit eines biologischen Systems zu machen. Natürlich würde eine exakte mathematische Fassung der Tauglichkeitsfunktion, könnte sie gefunden werden, dieser Aussage einen höheren Grad an Zu-

verlässigkeit verleihen. Für Makromoleküle im Übergangsfeld zwischen belebter und unbelebter Materie konnten erstmals *M. Eigen* [31] den Tauglichkeitswert (dort Wertfunktion genannt) physikalisch objektivieren und quantitativ formulieren. Solange es aber nicht gelingt, auch für ein höher entwickeltes Lebewesen eine Tauglichkeitsfunktion anzugeben, ist es möglicherweise bereits ein Fortschritt, sich nur auf das Glattheitspostulat zu stützen. Von allen denkbaren Tauglichkeitsfunktionen ist dann nur noch ein Bruchteil auch erlaubt. Diese Bereichsabgrenzung könnte man sich vielleicht zunutze machen, um auch die Geschwindigkeit der Evolution innerhalb eines verkleinerten Unsicherheitsbereiches anzugeben. (siehe Kapitel 19 und 20).

8. Strategien der technischen und biologischen Entwicklung

Wir haben einen Entwicklungsvorgang in Technik und Biologie als eine Punktfolge gedeutet, die in einem multidimensionalen Raum zur Stelle maximaler Qualitäts- bzw. Tauglichkeitsdichte konvergiert. Wir konnten dann zeigen, daß sowohl die Qualitätswerte als auch die Tauglichkeitswerte in diesem abstrakten Raummodell eine gewisse vorhersagbare Ordnung aufweisen. Schließlich haben wir – unter Vorwegnahme des mathematischen Beweises – behauptet, daß erst diese Ordnung eine Konvergenz der Entwicklung gewährleistet.

Es ist nun an der Reihe zu fragen, wie die Punkte nacheinander in den Parameter- bzw. Nukleotidraum gesetzt werden müssen, damit die prophezeite konvergente Punktfolge auch wirklich zustandekommt. Dabei interessiert uns in erster Linie die biologische Methode, die wir technisch nachahmen wollen. Zuvor wollen wir jedoch sehen, welche anderen Wege es gibt, um eine technische Entwicklungsaufgabe zu lösen. Dabei werden sich gewisse Analogien bei der technischen und biologischen Optimum-Ansteuerung ergeben.

8.1. Die technische Methode der Optimierung

Es gilt als wissenschaftliches Idealbild, eine optimale technische Konstruktion vollständig in der mathematischen Ebene vorauszubestimmen. Dafür muß aber ein mathematisches Modell des realen Geschehens vorhanden sein, d. h. es muß eine Gesetzmäßigkeit gefunden werden, die es erlaubt, zu jeder Objektkonfiguration die Qualität vorauszuberechnen. Wenn überhaupt, dann läßt sich ein solches Modell gewöhnlich nur durch eine radikale Vereinfachung der Wirklichkeit aufstellen. Die Folge ist, daß das Qualitätsdichtefeld in der mathematischen Darstellung dem wirklichen Feld nur noch in groben Zügen entspricht. Die Optimierungsrechnung am mathematischen Modell wird damit eine Lösung liefern, die technisch realisiert bei weitem noch nicht die Bestlösung darstellt. Um einen Schritt weiterzukommen, muß man für eine neue Rechnung die Ähnlichkeit zwischen dem mathematisch formulierten und dem wirklich vorhandenen Qualitätsdichtefeld verbessern. Nicht immer wird sich das durch vertiefte theoretische Überlegungen erreichen lassen. Häufig müssen erst besondere Experimente erdacht und an idealisierten Teilgebilden des Forschungsobjekts durchgeführt werden. Gelingt es schließlich, das mathematische Modell zu vervollkommen, so wird eine erneut durchgeführte Optimierungsrechnung einen Punkt liefern, der näher am wirklichen Optimum liegt. Durch eine wiederholt bessere Anpassung des mathematischen Qualitätsdichtefeldes an das wirkliche Feld wird das rechnerische Optimum immer weiter an das tatsächliche Optimum heranrücken. Wir erhalten eine konvergente Punktfolge im Parameterraum.

Dieses Verfahren setzt jedoch voraus, daß sich das Optimum der mathematischen Qualitätsdichtefunktionen nach den bekannten Methoden der Differentialrechnung bestimmen läßt. Häufig werden jedoch die Gleichungen, die zur Ermittlung des Optimums gelöst werden müssen, derart kompliziert, daß dieser analytische Weg ausscheidet. Die Lage des Mathematikers ist dann gleich der des Ingenieurs, der auf das Experiment angewiesen ist, um ein technisches System optimal zu gestalten. Während

nun der Ingenieur sich mehr intuitiv an die Optimallösung herantastet, verfügt der Mathematiker in der gleichen Situation über Methoden, nach denen er sich zielstrebig Schritt für Schritt an das Maximum oder Minimum einer mathematischen Funktion heranarbeiten kann. Prinzipiell könnte aber auch der Ingenieur mit diesen numerischen Suchverfahren planvoll experimentieren. Nachfolgend wollen wir die Wirkungsweise einiger dieser Optimierungsstrategien näher beschreiben.

Das begrifflich wohl einfachste Verfahren ist die achsenparallele Suche, auch bekannt als *Gauß-Seidel-Strategie*. Das mehrdimensionale Problem wird durch aufeinanderfolgende eindimensionale Optimierungsabschnitte gelöst. Um den Suchvorgang im Parameterraum sichtbar zu machen, betrachten wir den dreidimensionalen Fall $Q = Q(x_1, x_2, x_3)$. Wir ändern in der ersten Suchphase nur x_1 (Bild 16). Der erste Testschritt entscheidet darüber, ob wir in die richtige Richtung gezielt haben (Erfolg), oder ob wir in die entgegengesetzte Richtung umschalten müssen (Mißerfolg). Wir schreiten dann solange in Richtung des Erfolges fort, bis ein Umschlag zum Mißerfolg eintritt. Die Stelle des relativen Optimums bildet den

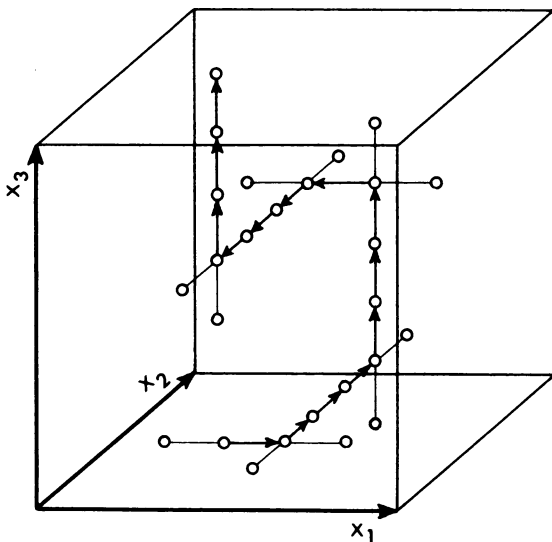


Bild 16. Gauß-Seidel-Strategie
Suchweg im dreidimensionalen
Parameterraum

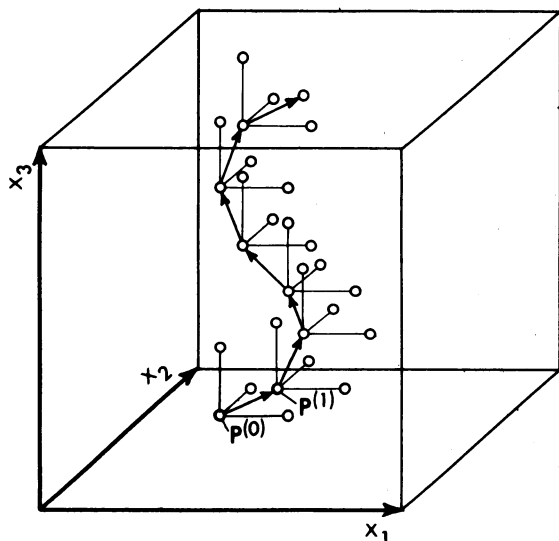


Bild 17. Gradientenstrategie
Suchweg im dreidimensionalen
Parameterraum

Startpunkt für die zweite Suchphase, bei der wir nur x_2 ändern. Haben wir auch in dieser Richtung das relative Optimum von Q gefunden, kommt die dritte Variable x_3 an die Reihe, dann wieder die erste usw.

Die Gradientenstrategie*) geht von der Vorstellung aus, daß man schnell zum Maximum einer Funktion gelangen müßte, wenn es gelänge, stets der Richtung des steilsten Anstieges der Funktion zu folgen. Da jedoch die Gradientenbahn im allgemeinen gekrümmt ist, muß die optimale Erfolgsrichtung von Schritt zu Schritt neu ermittelt werden. Als Beispiel betrachten wir wieder eine dreidimensionale Funktion $Q(x_1, x_2, x_3)$. Um für diese Funktion im Punkt $P^{(0)}$ die Gradientenrichtung zu berechnen, müssen bekanntlich die partiellen Ableitungen $\partial Q/\partial x_1$, $\partial Q/\partial x_2$, $\partial Q/\partial x_3$ an dieser Stelle gebildet werden. Zur numerischen Bestimmung der Gradientenrichtung benutzen wir anstelle der Differentialquotienten die entsprechenden Differenzenquotienten. Wir bestimmen diese, indem wir uns – ausgehend von $P^{(0)}$ – nacheinander in die drei Koordinatenrichtungen

*) Es handelt sich hier um eine für die experimentelle Suchoptimierung geeignete Version, die ohne Vorliegen der 1. Ableitungen in algebraischer Form arbeitet.

des Parameterraumes um kleine Prüfschritte Δx_1 , Δx_2 , Δx_3 bewegen und die zugehörigen Qualitätsänderungen ΔQ_1 , ΔQ_2 , ΔQ_3 messen (Bild 17).

Wollen wir dann einen Arbeitsschritt der Länge s in Richtung des Gradienten ausführen, so müssen wir vom Punkt $P^{(0)}$ mit den Koordinaten $x_1^{(0)}$, $x_2^{(0)}$, $x_3^{(0)}$ zum Punkt $P^{(1)}$ mit den Koordinaten

$$x_1^{(1)} = x_1^{(0)} + s \frac{\Delta Q_1}{\sqrt{\Delta Q_1^2 + \Delta Q_2^2 + \Delta Q_3^2}}$$

$$x_2^{(1)} = x_2^{(0)} + s \frac{\Delta Q_2}{\sqrt{\Delta Q_1^2 + \Delta Q_2^2 + \Delta Q_3^2}}$$

$$x_3^{(1)} = x_3^{(0)} + s \frac{\Delta Q_3}{\sqrt{\Delta Q_1^2 + \Delta Q_2^2 + \Delta Q_3^2}}$$

fortschreiten. Grundbedingung für das Verfahren ist, daß die Prüf- und Arbeitsschritte genügend klein gewählt werden, damit sich die Funktion Q innerhalb des Variationsbereiches noch annähernd linear verhält.

Eine dritte Optimierungsstrategie – wir wollen sie hier als extrapolierende Gradientenstrategie bezeichnen – benutzt abwechselnd Regeln der Gradienten- und Gauß-Seidel-Strategie. Wir erläutern das Verfahren wieder für den Fall $Q(x_1, x_2, x_3)$. Ausgehend vom Punkt $P^{(0)}$ bestimmen wir nach der Gradientenmethode mit Hilfe von drei Prüfschritten und den angegebenen Rechenoperationen den Punkt $P^{(1)}$ (Bild 18). Statt nun aber die gleiche Prozedur im Punkt $P^{(1)}$ zu wiederholen, schreiten wir bei der extrapolierenden Gradientenstrategie solange mit der Schrittweite s in der anfangs gefundenen optimalen Erfolgsrichtung weiter, bis ein Umschlag zum Mißerfolg eintritt. An der Stelle des relativen Optimums wird dann erneut nach den Regeln der Gradientenstrategie die optimale Erfolgsrichtung ermittelt. In dieser Richtung schreiten wir abermals bis zum relativen Optimum fort usw.

Eine Optimierungsstrategie, die eine gewisse Ähnlichkeit mit dem Wirkungsschema der genetischen Rekombination aufweist (siehe Seite 76),

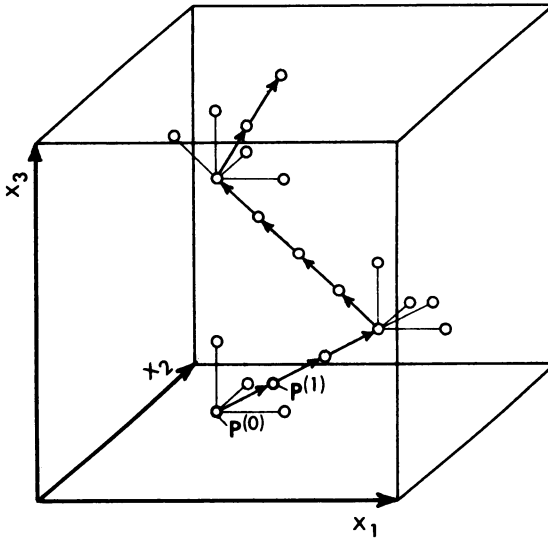
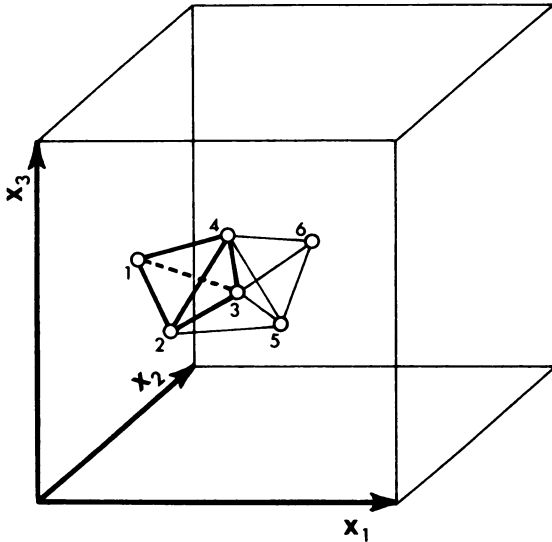


Bild 18. Extrapolierende Gradientenstrategie
Suchweg im dreidimensionalen Parameterraum

ist die Simplex-Strategie*). Zu Beginn der Suche werden $n+1$ Punkte im Parameterraum so festgelegt, daß sie die Ecken eines regulären Simplex bilden. Im dreidimensionalen Fall (siehe Bild 19) sind das die vier Ecken 1, 2, 3, 4 eines regelmäßigen Tetraeders. Wir bestimmen an diesen vier Punkten jeweils den Qualitätswert. Daraufhin streichen wir den Eckpunkt mit der schlechtesten Qualität (Ecke 1). Übrig bleibt das Dreieck 2, 3, 4. Wir verwenden dieses zum Aufbau eines neuen Tetraeders, indem wir den noch fehlenden vierten Eckpunkt der gestrichenen Ecke gegenüber anordnen (Ecke 5). Nun wird die Qualität an diesem Punkt bestimmt und das Verfahren wiederholt. Es ist möglich, daß einmal die neue Tetraederecke die schlechteste Qualität aufweist. Das Verfahren würde oszillieren. Um fortzufahren geht man dann zur vorhergehenden Tetraederkonstruktion zurück und streicht dort nicht den schlechtesten, sondern den zweit-schlechtesten Eckpunkt.

Mit den beschriebenen vier Verfahren sollten die wichtigsten Grundoperationen von Optimierungsstrategien herausgestellt werden. Diese

*) Diese Methode ist nicht zu verwechseln mit dem Simplex-Verfahren in der linearen Programmierung.



*Bild 19. Simplex-Strategie
Suchweg im dreidimensionalen
Parameterraum*

Grundoperationen können in vielfältiger Weise erweitert und verfeinert werden. Eine ausführliche Sammlung der verschiedensten Optimierungsstrategien enthalten z. B. die Bücher [32, 33, 34, 35, 36, 37].

Abschließend betrachten wir den Fall, daß ein Optimierungsproblem zu komplex ist, um es mathematisch zu beschreiben, und daß auch der Ingenieur nicht versucht, die Optimallösung experimentell mit Hilfe einer Suchstrategie zu finden. Verfügt der Ingenieur über keinerlei Informationen, nach denen er das Objektverhalten nach einer Parameteränderung abschätzen kann, dann wird er, falls er mit dem Bestehenden nicht zufrieden ist, irgendeine Änderung herbeiführen. Diese Änderung wird er bei einem Erfolg beibehalten bzw. bei einem Mißerfolg wieder rückgängig machen. Das entspräche etwa dem Prinzip der Mutation und Auslese in der Natur. Betrachten wir ferner den Fall, daß in mehreren Laboratorien an der gleichen Entwicklungsaufgabe gearbeitet wird. Dann kommt es gelegentlich vor, daß Konstruktionsdetails, die an der einen Stelle erarbeitet worden sind, von einer anderen Stelle übernommen werden. Das könnte man wieder vergleichen mit dem wechselseitigen Austausch väterlicher

und mütterlicher Erbanlagen bei der Chromosomenneuordnung während der Reduktionsteilung. In beiden Fällen benutzt der Ingenieur in ersten Ansätzen bereits Regeln der biologischen Evolution, deren Arbeitsweise wir jetzt behandeln werden.

8.2 Die biologische Methode der Optimierung

Wenn wir die Evolution der Lebewesen betrachten, dann handelt es sich – vom technischen Standpunkt aus gesehen – zuweilen um eine millionenfache Parallelentwicklung, je nachdem, wieviele Individuen zu einer Population zusammengeschlossen sind. Eine Population von Individuen bildet sich in unserem Modell des Nukleotidraumes als ein zusammenhängender Punkthaufen ab. Die verschiedenen in der Natur wirksamen Evolutionsmechanismen stellen dann bestimmte Regeln dar, nach denen Punkte neu gesetzt und andere gestrichen werden.

Die moderne synthetische Theorie der Evolution kennt folgende grundlegende Mechanismen [9]:

1. Genmutation,
2. Chromosomenmutation*),
3. Rekombination,
4. Selektion,
5. Isolation.

Die Faktoren eins bis drei sorgen dafür, daß neue Punkte in den Nukleotidraum gesetzt werden. Die Selektion eliminiert laufend Punkte, und zwar dort am häufigsten, wo der Punkthaufen im Nukleotidraum Bereiche geringer Tauglichkeitsdichte überdeckt. Auf diese Weise verschiebt sich der Punkthaufen allmählich in Richtung ansteigender Tauglichkeitsdichte.

*) Die Genommutation, eine Abart der Chromosomenmutation, bei der die Zahl der Chromosomen verändert wird, wollen wir aus diesen Betrachtungen ausschließen. Sie besitzt zwar für die Evolution der Pflanzen eine gewisse Bedeutung, nicht jedoch für die Evolution im ganzen.

Nun ist der Fall denkbar, daß von einer Stelle aus im Nukleotidraum die Tauglichkeitsdichte in mehreren Richtungen ansteigt. Die „Erfolgskanäle“ mögen in verschiedene Anpassungsoptima einmünden. Dann sorgen die verschiedenen Isolationsmechanismen (Herausbildung von Fortpflanzungsbarrieren) dafür, daß sich die Punktvolke im Nukleotidraum aufspaltet, so daß die Aufwärtsentwicklung getrennt weiterlaufen kann.

Beschäftigen wir uns jetzt eingehender mit der Genmutation, Chromosomenmutation und Rekombination [38, 39, 40, 41]. Versuchen wir, die Wirkung dieser Mechanismen im Nukleotidraum geometrisch zu deuten.

Genmutationen werden durch kurzwellige Strahlen und bestimmte Chemikalien hervorgerufen. Im Fall der „Punktmutation“ wird an einer Stelle des DNS-Fadens eine Nukleotidbase gegen eine andere ausgetauscht, wodurch sich der Sinn eines Codewortes ändert. Im Nukleotidraum, in dem sich jeder Genotyp als ein Punkt abbildet, entsteht ein neuer Punkt, der gegenüber dem ursprünglichen in einer Koordinatenrichtung verschoben ist (Bild 20). Die Chance, daß ein Gen mutiert, ist normalerweise sehr gering (10^{-5} bis 10^{-8} pro Verdoppelung).

Bei einer Chromosomenmutation ist der Eingriff in die Erbstruktur weitaus größer als bei der Genmutation. So kann es geschehen, daß sich

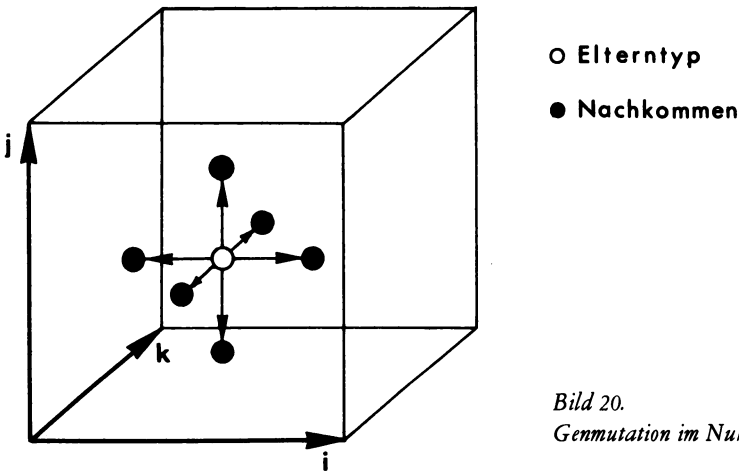


Bild 20.
Genmutation im Nukleotidraum

ein Chromosomenabschnitt verdoppelt (Duplikation), oder daß ein Stück aus einem Chromosom herausbricht und verlorengelht (Deletion). Ein herausgebrochenes Chromosomenstück kann sich ferner an ein anderes Chromosom anheften (Translokation), oder es kann um 180° gedreht wieder in die Bruchstelle eingefügt werden (Inversion).

Duplikationen von Chromosomenstücken sind für das Evolutionsgeschehen bedeutsam, da sich aus den verdoppelten Genen durch Mutationen allmählich Gene mit neuen Funktionen entwickeln können. Deletionen von Chromosomenstücken sind dagegen für die betroffenen Individuen meistens schädlich. Um Duplikationen bzw. Deletionen im Nukleotidraum darzustellen, müßten wir die Zahl der Raumachsen ändern, je nachdem wieviele Nukleotidstellen hinzukommen bzw. wegfallen. Da das Nukleotidraummodell dadurch sehr kompliziert würde, muß auf eine geometrische Deutung dieser Mechanismen verzichtet werden.

Untersuchen wir nunmehr die Translokation bzw. Inversion eines Chromosomenstückes. Wie wirkt es sich auf die genetische Information aus, wenn man aus dem DNS-Faden ein Stück der Nukleotidkette herausrennt und dieses dann am Fadenende oder um 180° gedreht am gleichen Ort wieder einbaut? Offensichtlich ändert sich dadurch in einem längeren Fadenbereich die ursprüngliche Zuordnung zwischen der Nummer der Nukleotidstelle (Zählbeginn = Fadenanfang) und der dort vorhandenen Basenart. Im Nukleotidraum wird also eine große Distanz zurückgelegt, und wir erwarten dementsprechend große erbliche Veränderungen am Lebewesen. Es gibt aber in der Natur Beispiele von Translokationen und Inversionen, bei denen sich das Erscheinungsbild des Lebewesens gar nicht oder nur geringfügig ändert. Das läßt sich nur damit erklären, daß die Information im Chromosom in autonome Einheiten untergliedert ist (das sind die Gene), und daß ein Bruch des Chromosoms bevorzugt zwischen diesen Einheiten auftritt.

Ein Beispiel aus dem technischen Bereich möge dies veranschaulichen: Ein Ingenieur habe auf einem Protokollblatt die Einstellung von drei Parametern seines Versuchsobjekts in der Reihenfolge $d_1 = 8$ cm, $d_2 = 4$ cm,

$d_3 = 14$ cm notiert. Offensichtlich ändert sich die Information nicht, wenn die Reihenfolge der Notierungen abgewandelt wird.

Da eine Genumlagerung im Nukleotidraum einen Schritt ergibt, der sich über viele Dimensionen erstreckt, läßt sich dieses Ereignis nicht mehr anschaulich geometrisch darstellen. Wir müssen das Geschehen vereinfachen, indem wir den Informationsgehalt eines Gens auf ein Minimum reduzieren. Wir konstruieren deshalb ein Modellgen, das nur aus zwei Binärzeichen (Zustände 0 und 1) besteht. Die erste Binärstelle möge dem Gen seine Individualität verleihen, so daß es ohne Funktionseinbuße im Chromosom umgelagert werden kann. Die zweite Binärstelle soll das zum Gen gehörige Merkmal kontrollieren. Das technische Analogon zu dieser Vorstellung wäre die Kennzeichnung eines Parameters in der Form $d_1 = 8$ cm. Auch hier bleibt die Information, die hinter der Bezeichnung d_1 steckt, unverändert. Als veränderlich wird nur die hinter dem Gleichheitszeichen stehende Information angesehen.

Wir betrachten jetzt zwei Modellgene mit den Codeworten 11 und 00. Durch Aneinanderreihen der Gene erhalten wir ein einfaches Chromosom mit der Zeichenfolge 1100. Die Umlagerung beider Gene ergibt ein Chromosom mit der Zeichenfolge 0011. Um die beiden Chromosomenzustände als Punkte in einem binären Nachrichtenraum darzustellen, müßten wir einen vierdimensionalen Würfel konstruieren. Jeder weiß, wie man mittels einer Projektion einen dreidimensionalen Würfel in zwei Dimensionen darstellt. In analoger Weise läßt sich von einem vierdimensionalen Würfel eine dreidimensionale Projektion herstellen. Es entsteht ein Gebilde von zwei ineinander verschachtelten Würfeln. Wenn wir diesen Doppelwürfel nochmals auf eine Ebene projizieren, erhalten wir das Bild 21. An diesem ebenen Abbild des vierdimensionalen Würfels stellt sich unsere hypothetische Genumlagerung als ein Schritt vom Punkt A zum Punkt A' dar. Beim Fehlen eines Positionseffektes enthalten beide Punkte die gleiche Information. Denselben Informationsgehalt besitzen ferner die Punkte B und B', C und C', D und D'. Diese Punkte werden besetzt, wenn wir die zweite Binärstelle unserer Modellgene abändern, wobei die Punkte B, C, D

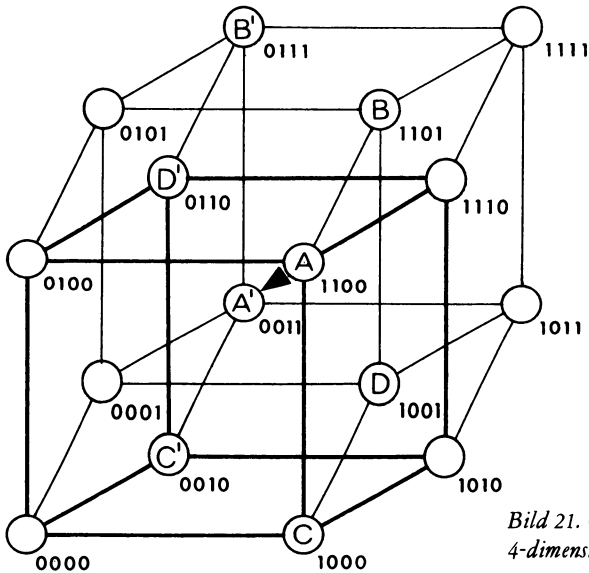


Bild 21. Chromosomenmutation im 4-dimensionalen Raum

aus dem ursprünglichen und die Punkte B', C', D' aus dem umgruppierten Chromosomenzustand hervorgehen.

Wenn nun im Punkt A und dessen Umgebung die gleiche genetische Information verschlüsselt ist wie im Punkt A' und dessen Umgebung, was ändert sich dann überhaupt bei unserer hypothetischen Genumlagerung? Das Bild 21 gibt die Antwort: Um die Punkte gleichen Informationsgehaltes zu erreichen, müssen wir bei A andere Richtungen einschlagen als bei A'. Diese Tatsache wird sich in Verbindung mit der nachfolgend beschriebenen Rekombination als sehr bedeutsam erweisen.

Der Prozeß der Rekombination sorgt dafür, daß das Erbgut der Individuen einer Population ständig neu gemischt wird. Die Grundlage hierfür bildet das System der sexuellen Vererbung. Ein Sexualesystem arbeitet, bei Einzellern wie bei höheren Lebewesen, in zwei Schritten. Im ersten wird das Erbgut zweier Individuen zusammengeführt, im zweiten wird das doppelte Erbgut wieder auf die normale Menge reduziert.

Bei der Reduktionsteilung werden mütterliche und väterliche Chromosomen jedoch nicht wieder genau zurücksortiert, sondern zufällig zu einem neuen Satz zusammengestellt (interchromosomale Rekombination). Außerdem sorgt das Phänomen des Crossing-over dafür, daß auch zwischen homologen elterlichen Chromosomen Stücke ausgetauscht werden. Crossing-over findet statt, wenn sich während der Reduktionsteilung die von der Mutter und dem Vater stammenden homologen Chromosomen dicht zusammenlegen. In den gepaarten Chromosomen treten gelegentlich Brüche auf, die dann „über Kreuz“ wieder zusammenheilen (intrachromosomale Rekombination).

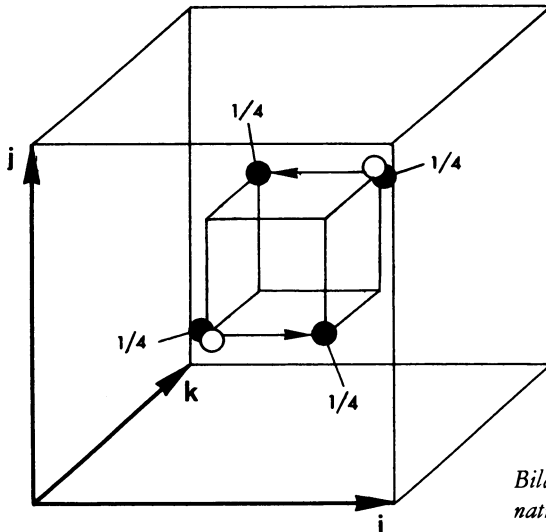
Wir wollen nun zeigen, wie sich der Vorgang der Rekombination im Nukleotidraum abbildet. Dabei sei angenommen, daß sich die DNS-Ketten der Eltern eines Nachkommens an drei Stellen wie folgt voneinander unterscheiden:

Nukleotidstelle im DNS-Strang	i	j	k
Basen im mütterlichen Strang	A	A	A
Basen im väterlichen Strang	T	T	T

Es genügt also, die Nukleotidachsen i, j und k zu zeichnen, um die genetische Verschiedenheit der Eltern sowie deren Nachkommen im Nukleotidraum sichtbar zu machen.

Als erstes betrachten wir das Beispiel, daß die Nukleotidstellen j und k zusammen im Chromosom A liegen, und daß sich die Stelle i allein im Chromosom B befindet. Was geschieht bei der Neugruppierung der Chromosomen als Ganzes? Bei einer Zufallsaufteilung der vier elterlichen Chromosomen werden vier Typen von Nachkommen gleich häufig auftreten. Davon entsprechen zwei den Eltern, die beiden anderen sind Rekombinationen (Bild 22).

Als nächstes denken wir uns die Nukleotidstellen i, j und k alle im selben Chromosom gelegen. Wie wirkt es sich aus, wenn jetzt durch Crossing-over Stücke zwischen den elterlichen Chromosomen ausge-



- Elterntypen
- Nachkommen

Bild 22. Interchromosomale Rekombination im Nukleotidraum

tauscht werden? Es können sich sechs verschiedene Rekombinationen bilden, wobei weit voneinander entfernt liegende Nukleotidstellen häufiger rekombinieren als dicht beieinander liegende. Crossing-over läßt sich in erster Näherung als ein Zufallsereignis deuten, das an jeder Nukleotidstelle der DNS-Kette mit gleicher Wahrscheinlichkeit auftritt. Wir können diesen Vorgang mit einem einfachen Spielwürfel nachahmen. Wir würfeln der Reihe nach an jeder Nukleotidstelle und führen immer dann ein Crossing-over durch, wenn z. B. eine Sechsz fällt.

Das Bild 23 zeigt, wie häufig die einzelnen Rekombinanten bei einem solchen Würfelspiel auftreten würden. Dabei wurde vorausgesetzt, daß die Nukleotidstellen i , j und k unmittelbar aufeinander folgen. Für den allgemeinen Fall, daß zwischen den markierten Orten noch weitere Nukleotidstellen liegen, lassen sich die Rekombinationswahrscheinlichkeiten nach der *Poisson-Formel* berechnen [38].

Wir stellen also fest: Durch den Mechanismus der Rekombination werden neue Punkte in den Nukleotidraum gesetzt, indem die Koordina-

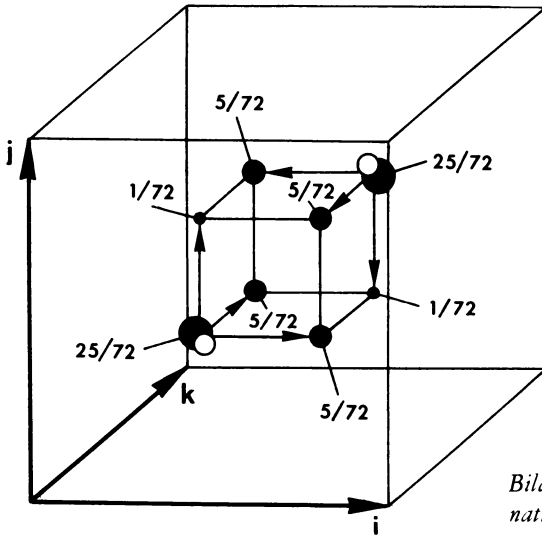


Bild 23. Intrachromosomale Rekombination im Nukleotidraum

ten zweier bereits vorhandener Punkte gemischt werden. Dabei wird eine besondere Mischmethode verwendet, so daß bestimmte Koordinatenkombinationen häufiger auftreten als andere. Das bedeutet, daß eine Gruppe sich sexuell fortpflanzender Individuen im Nukleotidraum einen Punkthaufen bildet, der bestrebt ist, sich in bestimmte Richtungen des Raumes bevorzugt auszubreiten.

Wie wir wissen, kann sich der Punkthaufen aber nur in Richtung eines Tauglichkeitsanstieges im Nukleotidraum bewegen; denn die natürliche Auslese verhindert jede andere Bewegung. Das heißt aber, daß eine gerichtete Variation nur dann günstig sein kann, wenn sie gerade dorthin zielt, wo die meisten Erfolge auftreten. Ein solches Vorgehen, das einer „genetischen Voraussicht“ gleichkommt, könnte durch geeignete Chromosomenmutationen entstehen. Denn wie wir gesehen haben, existieren im Nukleotidraum zahlreiche inselförmige Gebiete, in denen das gleiche Tauglichkeitsfeld unter verschiedenen räumlichen Orientierungen auftritt. Durch Chromosomenmutationen kann aber ein genetisches System von

einer Insel zu einer anderen springen. Wird einmal eine Insel erreicht, in der die Erfolgsrichtungen besonders gut mit den Vorzugsrichtungen der Rekombination übereinstimmen, dann wird dieser Zustand beibehalten, bis sich beim Fortschreiten der Evolution die Erfolgsrichtungen eventuell wieder ändern.

9. Programm der erweiterten Evolutionsstrategie

Vorgehend haben wir die wesentlichen Mechanismen der natürlichen Evolution kennengelernt. Jetzt muß das biologische Geschehen in ein Programm technisch realisierbarer Befehle übersetzt werden. Die einzelnen Programmschritte lassen sich dabei vorteilhaft an Hand eines Kartenspiels erläutern.

Um mit den Spielregeln des Kartenschemas vertraut zu werden, beginnen wir mit der vereinfachten Evolutionsstrategie (s. Kapitel 2). Als Versuchsobjekt sei eine verstellbare Gelenkplatte vorgegeben, deren Auftrieb zu einem Maximum gesteigert werden soll. Wir betrachten den $(\nu + 1)$ -ten Versuchsschritt (Bild 24):

Auf der Karte K_ν seien die momentanen Parametereinstellungen (Gelenkwinkel) sowie die Qualität des Versuchsobjekts (Strömungsauftrieb) notiert. Von der Karte K_ν wird eine Kopie hergestellt. Auf der Kopie werden die Winkelnotierungen durch einen Zufallsprozeß (z. B. Würfeln) um kleine Beträge abgeändert. Die veränderten Winkelwerte werden dann an der Gelenkplatte eingestellt. Es folgt die Messung des Auftriebes der Platte. Nachdem dieser Meßwert ebenfalls auf der Kartenkopie vermerkt wurde, wird diese zur Karte K_ν hinzugelegt. Abschließend wird die Karte mit dem schlechtesten Auftriebsvermerk aussortiert und der Zyklus beginnt von vorn.

Wir benutzen jetzt das gleiche Kartenschema, um das Programm für eine höhere Nachahmungsstufe der Evolution aufzustellen. Diesmal gehen wir von μ Karten aus, auf denen die Winkel- und Auftriebswerte der

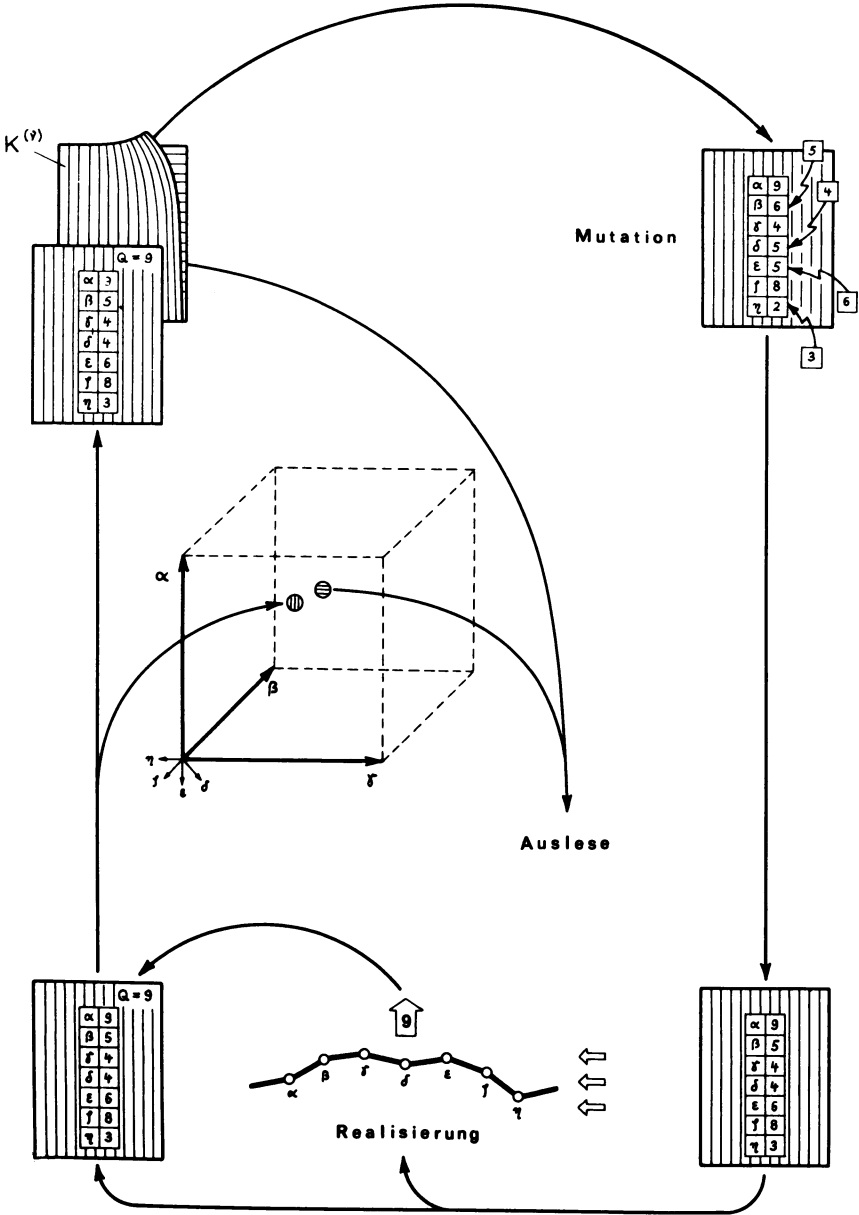


Bild 24. Befehlsfolge zur vereinfachten Nachahmung der Evolution

letzten μ erfolgreichen Gelenkplatteneinstellungen notiert sein sollen. Dieser Kartenstapel möge das genetische Material einer Population von μ Individuen verkörpern (Bild 25).

Zur Durchführung des $(\nu + 1)$ -ten Versuchsschrittes werden aus dem Kartenstapel zufällig zwei Karten herausgegriffen und kopiert. Die Originale kommen darauf in den Stapel zurück. Dann werden auf den Kopien wieder einige Winkelwerte durch einen Zufallsprozeß abgeändert; es werden gleichsam Genmutationen erzeugt. Es folgt die Nachbildung einer Chromosomenmutation, wobei wir uns auf die Inversion beschränken. Auf einer Kartenkopie wird die lineare Anordnung der Winkelnotierungen (Parameterspalte) an zwei Stellen zufällig aufgetrennt und der dazwischenliegende Bereich umgedreht. Damit ändert sich die Reihenfolge der Winkelnotierungen. Als nächstes wird der Vorgang des Crossing-over simuliert. Dazu werden die Parameterspalten beider Kartenkopien nebeneinander angeordnet und an erwürfelten Stellen zeilenförmig aufgetrennt. Wenn man danach die Spalten von oben nach unten durchläuft, so sollen an den Trennstellen die Spalten jedesmal ihre Seiten wechseln. Nicht erlaubt sei ein Trennschnitt, der durch eine normale und eine invertierte Parameterspalte läuft. Es würden daraus Spalten entstehen, die einige Parameternotierungen doppelt und andere überhaupt nicht enthalten. In der Natur werden derartige Zustände ebenfalls bereits in den Keimzellen eliminiert.

Nachdem die Parameterwerte auf unseren Kartenkopien verändert, umgestellt und neukombiniert worden sind, entscheidet das Los, welche der beiden Parameterspalten auf eine neue Karte übertragen werden soll. Darauf wird die Gelenkplatte nach den Anweisungen dieser Karte neu eingestellt. Es wird der Auftrieb der neuen Plattenform gemessen und als Qualitätswert in die neue Karte eingetragen. Anschließend wird die neue Karte in den Kartenstapel eingefügt.

Alle Karten dieses Stapels, die einen höheren Qualitätsvermerk aufweisen als die neu hinzugekommene, erhalten jetzt eine um eins erhöhte Kennziffer. Dadurch wird eine Kennziffer frei, die der neuen Karte zuge-

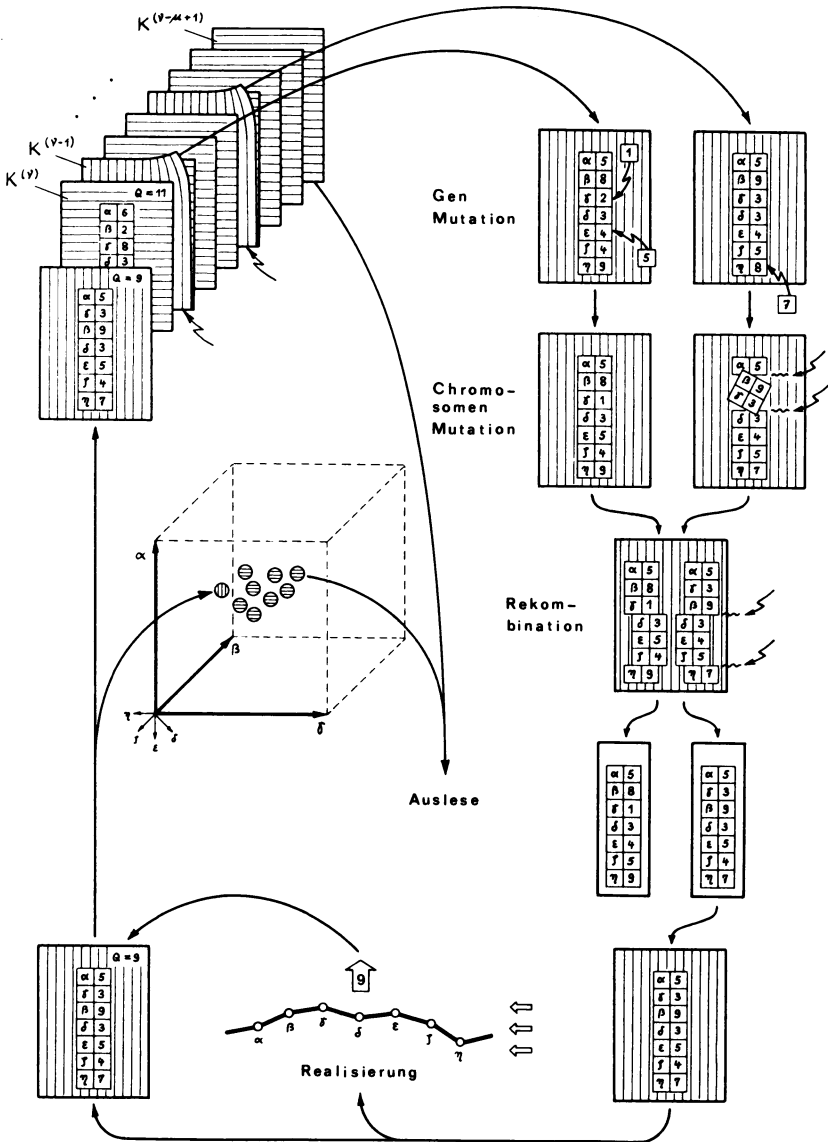


Bild 25. Befehlsfolge einer höheren Nachahmungsstufe der Evolution

ordnet wird. Zum Schluß wird von den $\mu + 1$ Karten diejenige aussortiert, die den niedrigsten Qualitätswert aufweist und der Zyklus beginnt von vorn.

Mit dem soeben aufgestellten Schema wurde der Erbgang niederer Organismen nachgeahmt (haploider Erbgang). Höhere Lebewesen besitzen jedoch einen Erbgang, bei dem die elterlichen Chromosomen nicht vor, sondern erst nach der Realisierung des Lebewesens rückgeordnet werden (diploider Erbgang). Da dieses Verfahren auf einer höheren Evolutionsstufe steht, ist zu vermuten, daß es Vorteile aufweist.

Der Vorteil des diploiden Schemas läßt sich möglicherweise wie folgt erklären: Der Textinhalt sämtlicher von der Mutter und dem Vater stammenden homologen Gene wird in die zugehörige Aminosäuresequenz übersetzt. Besitzen zwei homologe Gene die gleiche Information, ist das zugehörige Merkmal eindeutig bestimmt. Ist jedoch eines der beiden Gene mutiert, so gibt es zwei Möglichkeiten:

- a) Es werden beide Genprodukte (Proteinmoleküle) für die Ausbildung des Merkmals verwendet. Es entsteht ein gemittelttes Merkmal (intermediäre Vererbung).
- b) Es wird nur eines der beiden Proteinmoleküle verwertet, da nur dieses das passende Oberflächenmuster aufweist, um mit anderen Proteinmolekülen in Wechselwirkung zu treten (dominante und rezessive Vererbung).

Es ist denkbar, daß dieses Verfahren auch im technisch-mathematischen Bereich vorteilhaft ist. Betrachten wir folgendes Beispiel: Gesucht sei das Maximum der Funktion

$$Q(x_1, x_2, \dots, x_n)$$

unter den Nebenbedingungen

$$a_1 \leq x_1 \leq b_1, \dots, a_i \leq x_i \leq b_i, \dots, a_n \leq x_n \leq b_n.$$

Für eine erfolgreiche Mutation ist also notwendig, daß Q ansteigt und dabei keine der Nebenbedingungen verletzt wird. Sind die Grenzen

(a_i, b_i) eng gesteckt, so dürfte eine erfolgreiche Mutation unter diesen Umständen äußerst selten auftreten. Besser wäre dann folgendes Verfahren: Nach einer Variation der Parameterwerte werden zuerst die Nebenbedingungen durchgeprüft. Ist eine Nebenbedingung nicht erfüllt, dann wird nicht die gesamte Variation sogleich für erfolglos erklärt, sondern es wird lediglich der unzulässige Parameterwert gegen den ursprünglichen Wert ausgewechselt. Über Erfolg oder Mißerfolg einer Variation entscheidet dann weiterhin nur das Vorzeichen der Qualitätsänderung. Man erhält eine wirksame Methode, um die Zahl der erfolglosen Variationen zu verringern.

Diese Handlungsweise entspräche – rückübersetzt in den biologischen Bereich – einem diploiden Erbgang mit folgenden hypothetischen Eigenschaften: Es mutieren immer nur die Gene eines Elters. Ein mutiertes Gen ist gegenüber dem homologen nicht mutierten Gen dominant, wenn das abgeänderte Genprodukt noch zu einem koordinierten Zusammenwirken mit den anderen Genprodukten fähig ist; andernfalls ist das mutierte Gen rezessiv. In diesem Schema fehlt dann der intermediäre Zustand. Das hier entworfene technisch-mathematische Simulationsmodell für einen diploiden Erbgang kann deshalb noch nicht als vollständig angesehen werden.

10. Erster Testversuch mit der erweiterten Evolutionsstrategie

Es interessiert nun, ob für einen gegebenen Fall die erweiterte Evolutionsstrategie wirklich schneller zur Optimallösung konvergiert als das einfache zweigliedrige Wettkampfschema. Um das zu prüfen, wurde folgendes Testproblem entworfen:


Vorgegeben sind zwei 81-stellige Binärfolgen

$$I_0 = \begin{array}{l} 00 \\ 0000000000000000000000000000000000, \end{array}$$


S = 11100000011100010011100000011100110011100110011100000
0111001100111000000111111111.

Die Folge S bildet eine Soll-Folge, die von der Anfangs-Ist-Folge durch Abändern und Umkombinieren ihrer Stellenwerte erreicht werden soll. Die Entfernung einer abgeänderten Ist-Folge I_ν ($\nu = 1, 2, 3, \dots$) von der Soll-Folge-S wird durch die *Hamming-Distanz* ausgedrückt [42]. Die *Hamming-Distanz* sagt aus, an wievielen Stellen sich zwei Zeichenfolgen voneinander unterscheiden. Daraus folgt, daß die Wurzel aus der *Hamming-Distanz* den euklidischen Abstand zwischen der Ist- und Soll-Folge im 81-dimensionalen Coderraum angibt.

Zu Beginn des Versuchs betrug die *Hamming-Distanz* zwischen der Ist- und Soll-Folge 40. Eine Mutation wurde eingeführt, indem aus der Ist-Folge eine Stelle zufällig ausgewählt und die dort stehende Dualziffer durch ihren komplementären Wert ersetzt wurde, d. h. eine 0 wurde in eine 1 und eine 1 in eine 0 umgewandelt.

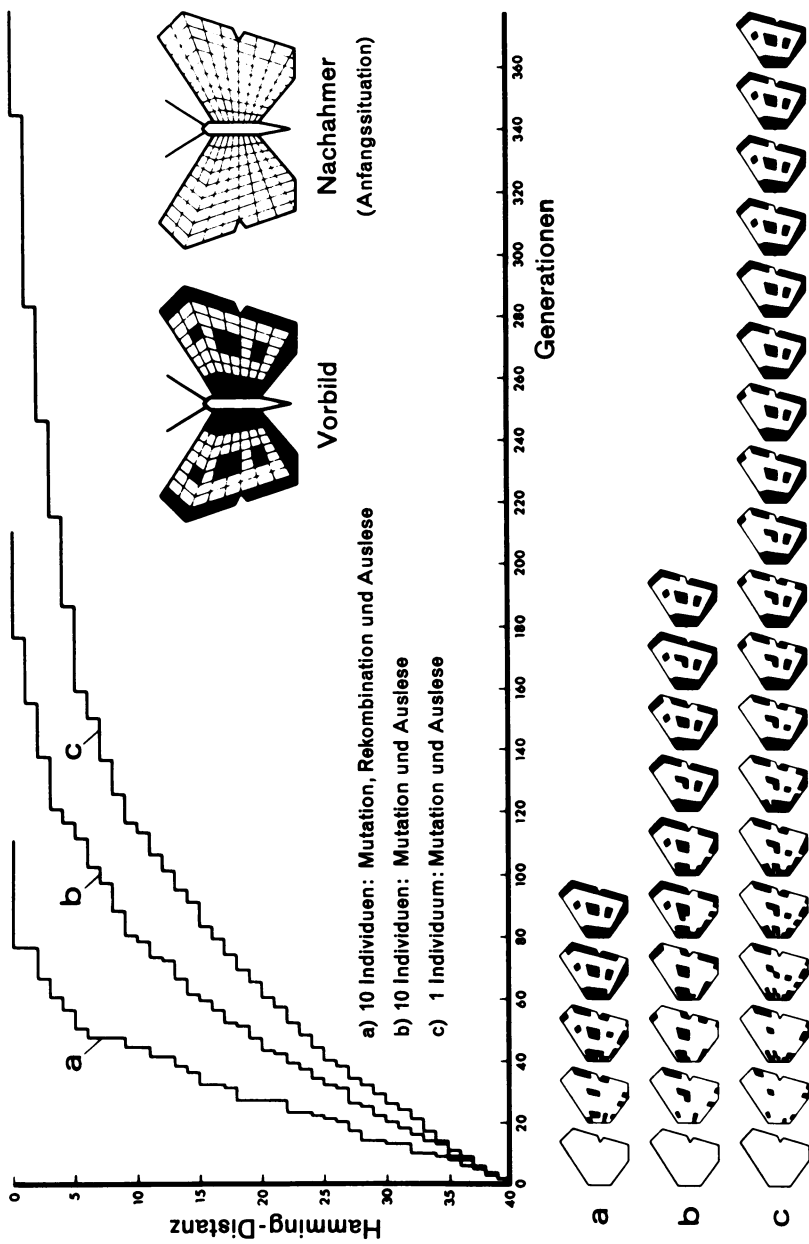

 10101101000101100010

Rekombinationen wurden wie folgt erzeugt: Die Zeilen zweier Ist-Folgen wurden untereinander geschrieben. Es wurde festgesetzt, daß (fortschreitend von links nach rechts) an jeder Stelle mit der Wahrscheinlichkeit $w = 1/2$ ein Zeilenwechsel auftreten konnte.


 10 {001} {01} {110} {1} {00} {01} 101010110010101
 10 {101} {00} {100} {0} {01} {01} 100010011000001

Das Optimierungskriterium lautete:

Hamming-Distanz (I_ν, S) \longrightarrow Minimum.



85 Bild 26. Erprobung der mehrgliedrigen Evolutionsstrategie: Simulation der Entstehung eines Täuschungssignals

Es wurden folgende Fälle durchgespielt:

- a) Das einfache zweigliedrige Evolutionsschema ($\mu = 1$). Die Soll-Folge wurde im Mittel nach 345 Schritten erreicht.
- b) Das einfache mehrgliedrige Evolutionsschema ($\mu = 10$). Die Soll-Folge wurde nach 175 Generationen erreicht.
- c) Das erweiterte mehrgliedrige Evolutionsschema ($\mu = 10$) mit Rekombination. Die Soll-Folge wurde nach 75 Generationen erreicht.

Dieses abstrakt erscheinende Testbeispiel läßt sich mit einem Vorgang in der Natur in Zusammenhang bringen: Wir denken uns den Flügel eines Schmetterlings in $9 \times 9 = 81$ Quadrate aufgeteilt, so daß sich ein Schwarz-Weiß-Muster des Schmetterlings durch eine Folge von Binärzeichen beschreiben läßt. Die vorgegebene Soll-Folge S könnte das Muster eines ungenießbaren und deshalb von Vögeln gemiedenen Schmetterlings beschreiben. Eine andere Schmetterlingsart mit dem Anfangsmuster I_0 ahmt im Verlauf der Evolution das Schutzmuster nach [43]. Das Bild 26 zeigt diese als Mimikry bekannte evolutive Signalanpassung.

Abschließend sei noch auf eine Besonderheit des Versuchsablaufs hingewiesen. Bei dem erweiterten Evolutionsschema wurde eine abgeänderte Binärfolge immer erst dann in die Population eingegliedert, nachdem bereits 10 weitere Varianten der Folge erzeugt worden waren. Denn normalerweise dauert es auch in der Natur eine gewisse Zeit, bis aus der genetischen Information ein fertiges Lebewesen entstanden ist. Genauso kann bei einem technischen Optimierungsversuch von dem Moment an, da die Information für eine Objektänderung vorliegt, eine lange Wartezeit auftreten, bis das Objekt realisiert und bewertet worden ist. Eine Optimierungsstrategie, welche die Wartezeit zur Herstellung weiterer Versuchsobjekte ausnutzt, um das Optimum schneller zu finden, wird deshalb auch für die Technik bedeutsam sein.

11. Mehrgliedrige Evolution zur technischen Optimierung

Unser Versuch, die Entstehung der Schmetterlings-Mimikry nachzuahmen, hat gezeigt, daß es in der Geschichte der Lebewesen sehr wahrscheinlich eine Evolution der Evolution gegeben hat; denn je genauer wir in diesem Experiment die biologische Evolutionsmethode nachahmen, desto schneller konvergiert sie offensichtlich. Wesentlich für die genauere Nachahmung ist, daß eine Population verwendet wird. Ist es aber nicht gerade äußerst verschwenderisch, wenn in der Natur an Millionen von Individuen zugleich experimentiert wird? Kann die Evolutionsmethode unter diesen Umständen noch als optimal bezeichnet werden? Der scheinbare Widerspruch erklärt sich damit, daß die Güte einer Optimierungsstrategie in der Natur anders bewertet wird als in der Technik.

In der Natur zählt allein die Zeit, innerhalb der eine bestimmte Anpassung erreicht wird. Eine biologische Art, die sich in 10 Generationen an eine neue Umweltbedingung anpaßt, ist der verwandten Art, die dafür 20 Generationen benötigt, überlegen. Solange genügend Lebensraum vorhanden ist, spielt es keine Rolle, wieviele Individuen dabei eine Generation besitzt. Deshalb wurden auf der Abszisse im Bild 26 nicht Schrittzahlen, sondern Generationen aufgetragen.

Für die technische Optimierung gelten andere Maßstäbe. Als Optimierungsaufwand zählt hier das Produkt Zeit mal Kosten für die Versuchsdurchführung. Würde man – statt an einem – an zehn technischen Objekten zugleich experimentieren, so wäre das eben zehnmal so aufwendig.

Es gibt aber durchaus Optimierungsprobleme, bei denen das Gruppenexperiment sinnvoll sein könnte. Es sei z. B. die Aufgabe gestellt, die Form eines Kunststoffteils mit maximaler Festigkeit zu finden. Wir konstruieren zur Herstellung dieses Teils eine variable Gußform. Damit möge sich – unter Verwendung von Gießharz – jede Stunde ein verändertes Kunststoffteil fertigen lassen. Wir wollen annehmen, daß der Kunststoff danach noch 24 Stunden durchhärten muß, bevor die Festigkeit des Versuchsteils

gemessen werden darf. In der Zwischenzeit könnte man jedoch weiter an der Lösung der Optimierungsaufgabe arbeiten, wenn ein mehrgliedriges Evolutionsschema benutzt werden würde. Nimmt man das Mimikry-Experiment zum Maßstab, so würde bei einem elfgliedrigen Experimentierschema mit Rekombination die Optimierungszeit auf etwa $1/5$ reduziert. Ähnliche Versuchsbedingungen ergeben sich, wenn ein Ingenieur mit Hilfe der Evolutionsstrategie ein Konstruktionsteil maximaler Dauerfestigkeit entwickeln möchte, oder wenn ein Industrieunternehmen versuchen würde, ein Produkt mittels der Evolutionsstrategie optimal dem Markt anzupassen. Beide Male wäre das mehrgliedrige Evolutionsschema geeignet, die Wartezeit bis zur Beendigung des Dauerfestigkeitsversuchs bzw. bis zur Feststellung des Verkaufserfolgs für weitere Experimente zu nutzen.

Echte Parallelarbeit mit einer Gruppe wird aller Voraussicht nach bald auf modernen Digitalrechnern möglich. Neuste Entwicklungen auf diesem Gebiet gehen nämlich dahin, daß von der sequentiellen Informationsverarbeitung innerhalb eines Rechners zu einem Parallelbetrieb vieler autonomer Rechereinheiten übergegangen wird. Denn wegen der endlichen Geschwindigkeit, mit der sich ein Signal in einem elektrischen Leiter fortpflanzt, kann die Rechengeschwindigkeit bei serieller Informationsverarbeitung heute kaum noch gesteigert werden. Voraussetzung für den sinnvollen Einsatz des neuen Rechnertyps sind dann Algorithmen, mit denen paralleles Arbeiten möglich ist [44].

Darüber hinaus ist die mehrgliedrige Evolutionsmethode dem zweigliedrigen Wettkampfschema deshalb überlegen, weil sie sich zu einer Strategie weiterentwickeln läßt, die sich während der Optimierung stets von selbst so einstellt, daß schnellstes Fortschreiten erreicht wird. Wir wollen in diesem Fall von einer „lernenden Population“ sprechen, deren Wirksamkeit wir im Kapitel 18 noch kennenlernen werden.



Zur Theorie der Evolutionsstrategie

12. Aufgabe der Theorie

Überlegen wir uns, welche Fragen von einer Theorie beantwortet werden sollten. Es wäre gewiß wertvoll, wenn sich auch mathematisch zeigen ließe, um welchen Betrag eine Evolutionsstrategie, die Crossing-over, Chromosomenmutationen und diploide Vererbung kopiert, schneller konvergiert als das einfache Mutations-Selektions-Verfahren. Doch ist es bisher noch nicht gelungen, die erweiterte Evolutionsstrategie mathematisch zu begründen. Die vorgetragene Theorie behandelt nur die vereinfachte Evolutionsstrategie in der Form des zweigliedrigen Wettkampfschemas. Dabei stehen drei Fragen im Vordergrund, die bei Diskussionen über die Wirksamkeit des Mutations-Selektions-Verfahrens besonders häufig gestellt werden.

1. Frage: Damit das Mutations-Selektions-Verfahren konvergiert, muß die Qualitätsfunktion $Q(x_1, x_2, \dots, x_n)$ möglicherweise bestimmte Kriterien erfüllen. Was geschieht zum Beispiel, wenn die Qualitätsfunktion Nebenmaxima besitzt?
2. Frage: Vorgegeben sei ein hinreichend flexibel gestaltetes Versuchsobjekt. Alle Parameter lassen sich kontinuierlich verstellen. Wie groß müssen dann im Mittel die zufälligen Parameteränderungen sein (z. B. in Prozent des gesamten Verstellbereiches), damit das Mutations-Selektions-Verfahren gut konvergiert?
3. Frage: Es ist das Kennzeichen nahezu aller in der mathematischen und regelungstechnischen Literatur beschriebenen Optimierungs-

strategien, mit einer ausgeklügelten Schrittfolge zum Funktionsoptimum zu gelangen. Sind diese determinierten Verfahren nicht doch der Zufallsmethode weit überlegen?

Wir wollen versuchen, in den nachfolgenden theoretischen Überlegungen diese drei Kernfragen zu beantworten.

13. Konvergenz des Mutations-Selektions-Verfahrens

Vorgegeben sei eine n -dimensionale Qualitätsfunktion

$$Q(x_1, x_2, \dots, x_n).$$

Für $x_1 = x_1^*$, $x_2 = x_2^*$, \dots , $x_n = x_n^*$ möge die Funktion ein absolutes Maximum besitzen. Die Suche nach diesem Maximum soll an der Stelle $x_1 = x_1^{(0)}$, $x_2 = x_2^{(0)}$, \dots , $x_n = x_n^{(0)}$ beginnen. Wir wollen die Mutationspunkte in der Reihenfolge, wie sie erzeugt werden, mit 1, 2, 3, \dots durchnummerieren. Aus dieser Folge werden durch den Selektionsmechanismus laufend Punkte eliminiert. Um diesen Vorgang kenntlich zu machen, konstruieren wir eine zweite Punktfolge 1', 2', 3', \dots , die nur die jeweiligen Bestwerte durchläuft. Ein neuer Mutationspunkt bekommt nur dann die nächst höhere Strich-Nummer, wenn er eine Qualitätsverbesserung ergibt; anderenfalls soll der Punkt, von dem die Mutation ausging, die nächst höhere Strich-Nummer erhalten. Sind demnach von einem Punkt aus mehrere erfolglose Mutationen zu verzeichnen, dann wird dieser Punkt mehrere aufeinanderfolgende Strich-Nummern tragen; der Optimierungsprozeß wird sich an dieser Stelle länger aufhalten. Wir wollen die Stellen 1', 2', 3', \dots deshalb als Aufenthaltspunkte bezeichnen.

Wir kennzeichnen jetzt den ν -ten Mutationspunkt $(x_1^{(\nu)}, x_2^{(\nu)}, \dots, x_n^{(\nu)})$ durch die Abkürzung $\mathbf{x}^{(\nu)}$ und entsprechend den ν -ten Aufenthaltspunkt $(x_1^{\nu'}, x_2^{\nu'}, \dots, x_n^{\nu'})$ durch die Abkürzung $\mathbf{x}^{\nu'}$. Dann läßt sich der Mutations-Selektions-Algorithmus für den $(\nu + 1)$ -ten Schritt wie folgt schreiben:

Mutationskriterium

$$(1a) \quad \mathbf{x}^{(\nu+1)} = \mathbf{x}'^{(\nu)} + \mathbf{z}^{(\nu)}$$

Selektionskriterium

$$(1b) \quad \begin{aligned} \mathbf{x}'^{(\nu+1)} &= \mathbf{x}^{(\nu+1)} && \text{für } Q(\mathbf{x}^{(\nu+1)}) \geq Q(\mathbf{x}'^{(\nu)}) \\ \mathbf{x}'^{(\nu+1)} &= \mathbf{x}'^{(\nu)} && \text{für } Q(\mathbf{x}^{(\nu+1)}) < Q(\mathbf{x}'^{(\nu)}) . \end{aligned}$$

Die Größe $\mathbf{z}^{(\nu)}$ stellt einen Zufallsvektor dar, dessen Komponenten $z_1^{(\nu)}, z_2^{(\nu)}, \dots, z_n^{(\nu)}$ durch einen Zufallsprozeß (z. B. Würfeln) realisiert werden müssen. Der Zufallsvektor soll eine normalverteilte Wahrscheinlichkeitsdichte im n -dimensionalen Raum annehmen:

$$(2) \quad w(\mathbf{z}) = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \right)^n e^{-\frac{1}{2\sigma^2} \mathbf{z}^2} .$$

Hierbei wird gleiche Wahrscheinlichkeitsdichte durch Schalen von Hyperkugeln beschrieben, die sich konzentrisch um den jeweiligen Aufenthaltspunkt \mathbf{x}' anordnen. In radialer Richtung nimmt die Dichte in der Form der bekannten *Gaußschen* Glockenkurve ab, wobei die Streuung σ das Maß dieser Abnahme bestimmt.

Auf Grund des Selektionskriteriums (1b) bilden die zu den Punkten $\mathbf{x}'^{(1)}, \mathbf{x}'^{(2)}, \dots, \mathbf{x}'^{(\nu)}, \dots$ gehörenden Qualitätswerte eine monoton nicht fallende Zahlenfolge:

$$(3) \quad Q(\mathbf{x}'^{(1)}) \leq Q(\mathbf{x}'^{(2)}) \leq \dots \leq Q(\mathbf{x}'^{(\nu)}) \leq \dots .$$

Bei einem physikalisch sinnvollen Optimierungsproblem kann man voraussetzen, daß die Folge nach oben beschränkt ist. Nun konvergiert aber nach einem bekannten mathematischen Satz eine beschränkte und monoton nicht fallende Zahlenfolge gegen ihre obere Grenze [45, 46]. Besitzt also die Qualität Q an der Stelle \mathbf{x}^* eindeutig ihren größten Wert, d. h. gilt für alle $\mathbf{x}' \neq \mathbf{x}^*$ die Ungleichung $Q(\mathbf{x}') < Q(\mathbf{x}^*)$, dann strebt die Zahlenfolge (3) mit wachsender Zahl ν gegen $Q(\mathbf{x}^*)$.

Es muß noch hinzugefügt werden, daß es ausgeschlossen ist, daß in der Folge (3) von irgendeiner Stelle an etwa nur noch die Gleichheitszeichen gelten, wenn der Grenzwert noch nicht erreicht ist. Solange nämlich innerhalb des physikalisch stets begrenzten Parameterraumes noch endlich große Gebiete mit einer höheren Qualität existieren, solange bleibt auch die Wahrscheinlichkeit endlich groß, daß eine Mutation dieses Gebiet trifft.

Mathematisch ergibt sich für die Erfolgswahrscheinlichkeit der Ausdruck

$$(4) \quad W_e(\mathbf{x}') = \int_G \dots \int_G w(\mathbf{x} - \mathbf{x}') d\mathbf{x} = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \right)^n \int_G \dots \int_G e^{-\frac{1}{2\sigma^2}(\mathbf{x} - \mathbf{x}')^2} d\mathbf{x} \quad .$$

Dabei ist über das Erfolgsgebiet G zu integrieren, das alle Punkte \mathbf{x} enthält, für welche die Ungleichung $Q(\mathbf{x}) > Q(\mathbf{x}')$ gilt.

Die Tatsache, daß der Mutations-Selektions-Algorithmus (1a, 1b) mit Sicherheit eine Folge von Punkten $\mathbf{x}^{(1)}, \mathbf{x}^{(2)}, \mathbf{x}^{(3)}, \dots$ erzeugt, die im mathematischen Sinn zur Stelle maximaler Qualität konvergiert, ist dennoch nur von theoretischem Interesse. Es kann nämlich immer noch geschehen, daß an manchen Stellen die Gleichheitszeichen in der Folge (3) das Übergewicht bekommen, indem vielleicht erst nach mehreren Millionen Gleichheitszeichen wieder eine Qualitätsverbesserung auftritt. Damit also das Mutations-Selektions-Verfahren an einer Stelle $\mathbf{x}' \neq \mathbf{x}^*$ nicht praktisch einmal steckenbleibt, muß die Bedingung $W_e(\mathbf{x}') > 0$ in die schärfere Bedingung $W_e(\mathbf{x}') \geq \delta$ abgeändert werden, wobei δ ($0 < \delta < 1$) eine vorgegebene, nicht zu kleine Zahl darstellt.

Falls sich also von einer Qualitätsfunktion voraussagen läßt, daß sie für alle $\mathbf{x}' \neq \mathbf{x}^*$ die Integralbedingung

$$(5) \quad W_e(\mathbf{x}') = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \right)^n \int_G \dots \int_G e^{-\frac{1}{2\sigma^2}(\mathbf{x} - \mathbf{x}')^2} d\mathbf{x} \geq \delta$$

erfüllt, so wäre dies eine Gewähr, daß das Mutations-Selektions-Verfahren in einem gewünschten Grade auch beständig konvergiert.

Wir wollen nun danach fragen, welche anschaulich deutbaren Eigenschaften die Qualitätsfunktion besitzen muß, damit die Bedingung (5) erfüllt ist. Dazu betrachten wir ein Umgebungsgebiet $U_0(\mathbf{x}')$ des Punktes \mathbf{x}' , das durch die Bedingung

$$(6) \quad (\mathbf{x} - \mathbf{x}')^2 < \varrho^2, \quad (\varrho > 0)$$

begrenzt sei. Ein solches sphärisches Umgebungsgebiet enthält einen bestimmten Anteil $G_0(\mathbf{x}')$ als Erfolgsgebiet. Allgemein wird sich dieser Anteil ändern, wenn wir den Radius ϱ des Umgebungsgebietes ändern. Es wird für das Verhältnis $G_0(\mathbf{x}')/U_0(\mathbf{x}')$ einen Maximalwert geben. Angenommen, wir kennen dieses maximale Verhältnis oder können es hinreichend genau abschätzen; dann läßt sich aus dieser geringen Information bereits eine obere und eine untere Grenze für die Erfolgswahrscheinlichkeit $W_e(\mathbf{x}')$ angeben. Es gilt die Ungleichung

$$(7) \quad \frac{1}{\sqrt{\pi} n} \left[\frac{G_0(\mathbf{x}')}{U_0(\mathbf{x}')} \right]_{\max} < W_e(\mathbf{x}') < \left[\frac{G_0(\mathbf{x}')}{U_0(\mathbf{x}')} \right]_{\max}.$$

Die obere Grenze ergibt sich aus folgender Überlegung: Vorgegeben sei eine beliebige sphärische Testumgebung U_0 . Wir nehmen zunächst an, jeder Raumbezirk innerhalb dieser Testumgebung werde mit der gleichen Wahrscheinlichkeit von einem Mutationsschritt getroffen, während außerhalb von U_0 keine Mutationsschritte hingelangen. Dann ergibt sich – unabhängig von der geometrischen Verteilung des Erfolgsgebietes G_0 in U_0 – für die Erfolgswahrscheinlichkeit der Wert $W_e = G_0/U_0$. Jetzt wählen wir die Umgebung U_0 so, daß das Verhältnis G_0/U_0 seinen maximalen Wert annimmt. Dann wird auch die Erfolgswahrscheinlichkeit ihren größten Wert besitzen.

Nun sind die Mutationsschritte aber nicht gleichverteilt, sondern sie ordnen sich nach einer Gaußschen Glockenkurve an. Die Streuung σ möge

jedoch so klein gewählt sein, daß nur ein sehr geringer Prozentsatz der Zufallschritte aus U_0 herausfällt. Die Treffer werden sich also im Zentrum von U_0 anhäufen. Hier könnten sich nur dann mehr Erfolge ergeben als bei der Gleichverteilung, wenn das Erfolgsgebiet das Volumen von U_0 innen dichter ausfüllen würde als am Rande. Das hieße aber, daß bei einer Verkleinerung von U_0 das Verhältnis G_0/U_0 noch anwächst, was jedoch ausgeschlossen ist, da die betrachtete Umgebung bereits das größte Verhältnis G_0/U_0 besitzen soll. Damit ist aber die obere Grenze der Ungleichung (7) bewiesen.

Um die untere Grenze zu bestimmen, konstruieren wir wieder eine sphärische Testumgebung U_0 und messen das darin befindliche Erfolgsgebiet G_0 . Wir wollen zunächst annehmen, daß außerhalb dieser Umgebung keine weiteren Erfolgsgebiete auftreten. Dann läßt sich zwar die tatsächliche Erfolgswahrscheinlichkeit noch immer nicht berechnen, da die Verteilung der Erfolgsgebiete innerhalb der Umgebung U_0 unbekannt ist. Doch läßt sich jetzt ihr kleinstmöglicher Wert angeben. Die kleinste Erfolgswahrscheinlichkeit tritt nämlich dann auf, wenn sich das Erfolgsgebiet G_0 im größtmöglichen Abstand vom Zentrum der Umgebungskugel U_0 befindet. Das ist aber eine Kugelschale mit dem äußeren Radius ϱ und dem durch G_0 bestimmten inneren Radius ϱ_1 . Wenn wir nun wieder berücksichtigen, daß außerhalb der Testumgebung auch noch Erfolgsgebiete auftreten können, dann ergibt sich nach (5) für die Erfolgswahrscheinlichkeit die Ungleichung

$$(8) \quad W_e(\mathbf{x}') \geq \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma}\right)^n \left[\int_{(\mathbf{x}-\mathbf{x}')^2 \leq \varrho^2} \dots \int e^{-\frac{1}{2\sigma^2}(\mathbf{x}-\mathbf{x}')^2} d\mathbf{x} - \int_{(\mathbf{x}-\mathbf{x}')^2 \leq \varrho_1^2} \dots \int e^{-\frac{1}{2\sigma^2}(\mathbf{x}-\mathbf{x}')^2} d\mathbf{x} \right].$$

Führt man n -dimensionale Kugelkoordinaten ein, so lassen sich die n -fachen Integrale in einfache Integrale überführen (siehe [46], Bd. III, S. 397):

$$(9) \quad W_e(\mathbf{x}') \geq \frac{2^{1-\frac{n}{2}}}{\epsilon^n \Gamma(\frac{n}{2})} \left[\int_0^g r^{(n-1)} e^{-\frac{1}{2\epsilon^2} r^2} dr - \int_0^{g_i} r^{(n-1)} e^{-\frac{1}{2\epsilon^2} r^2} dr \right],$$

$$W_e(\mathbf{x}') \geq \frac{2^{1-\frac{n}{2}}}{\epsilon^n \Gamma(\frac{n}{2})} \int_{g_i}^g r^{(n-1)} e^{-\frac{1}{2\epsilon^2} r^2} dr.$$

Der Mittelwertsatz der Integralrechnung liefert mit $g > \xi > g_i$:

$$(10) \quad W_e(\mathbf{x}') \geq \frac{2^{1-\frac{n}{2}}}{\epsilon^n \Gamma(\frac{n}{2})} e^{-\frac{\xi^2}{2\epsilon^2}} \int_{g_i}^g r^{(n-1)} dr = \frac{2^{-\frac{n}{2}}}{\frac{n}{2} \Gamma(\frac{n}{2})} \frac{g^n - g_i^n}{\epsilon^n} e^{-\frac{\xi^2}{2\epsilon^2}}.$$

Setzen wir $\xi = g$, dann gilt auf jeden Fall das Größer-Zeichen:

$$(11) \quad W_e(\mathbf{x}') > \frac{2^{-\frac{n}{2}}}{\frac{n}{2} \Gamma(\frac{n}{2})} \frac{g^n - g_i^n}{\epsilon^n} e^{-\frac{g^2}{2\epsilon^2}}.$$

Wie man erkennt, hängt diese untere Grenze für die Erfolgswahrscheinlichkeit noch von der Streuung σ der Mutationsschritte ab. Gesucht wird aber nur nach einem Kriterium für die Qualitätsfunktion, das erfüllt sein muß, damit die Erfolgswahrscheinlichkeit an einer Stelle \mathbf{x}' einen vorgegebenen Wert nicht unterschreitet. Wir müssen deshalb die Streuung σ aus der Gleichung (11) eliminieren. Dazu denken wir uns die Streuung derart eingestellt, daß die rechte Seite von (11) ihren maximalen Wert annimmt. Das Nullsetzen der ersten Ableitung liefert dafür den Wert $\sigma = g/\sqrt{n}$. Das ergibt eingesetzt in (11)

$$(12) \quad W_e(\mathbf{x}') > \frac{(\frac{n}{2})^{\frac{n}{2}-1} e^{-\frac{n}{2}}}{\Gamma(\frac{n}{2})} \frac{g^n - g_i^n}{g^n} = \frac{(\frac{n}{2})^{\frac{n}{2}-1} e^{-\frac{n}{2}}}{\Gamma(\frac{n}{2})} \frac{G_g}{U_g} \approx \frac{1}{\sqrt{\pi n}} \frac{G_g}{U_g}.$$

Dabei folgt der letzte Ausdruck aus einer asymptotischen Entwicklung der Gammafunktion

$$(13) \quad \Gamma(z) \approx \sqrt{2\pi} z^{z-\frac{1}{2}} e^{-z} \quad (z \gg 1) ,$$

was für eine Abschätzung der unteren Grenze von $W_e(\mathbf{x}')$ genügend genau ist. Für das Verhältnis G_0/U_0 ist dann wieder der größte Wert zu verwenden. Damit ist aber auch die linke Seite der Ungleichung (7) bewiesen.

Die Ungleichung (7) können wir nun benutzen, um ein notwendiges und ein hinreichendes Kriterium dafür zu definieren, daß von einem kritischen Punkt aus das Mutations-Selektions-Verfahren mit einer bestimmten Mindestwahrscheinlichkeit weiterführt. Solche kritischen Punkte sind in erster Linie Nebenmaxima der Qualitätsfunktion.

Notwendiges Kriterium:

Damit an einem kritischen Punkt $\mathbf{x}' \neq \mathbf{x}^*$ das Mutations-Selektions-Verfahren mit einer Wahrscheinlichkeit $W_e \geq \delta$ weiterkonvergiert, ist notwendig, daß sich um diesen Punkt eine sphärische Umgebung U_0 mit einem darin eingeschlossenen Erfolgsgebiet G_0 konstruieren läßt, so daß gilt

$$(14) \quad \frac{G_0}{U_0} > \delta , \quad (0 < \delta < 1) .$$

Hinreichendes Kriterium:

Damit an einem kritischen Punkt $\mathbf{x}' \neq \mathbf{x}^*$ das Mutations-Selektions-Verfahren mit einer Wahrscheinlichkeit $W_e \geq \delta$ weiterkonvergiert, ist hinreichend, daß sich um diesen Punkt eine sphärische Umgebung U_0 mit einem darin eingeschlossenen Erfolgsgebiet G_0 konstruieren läßt, so daß gilt

$$(15) \quad \frac{G_0}{U_0} > \sqrt{\pi n} \delta , \quad (0 < \delta < 1) .$$

Wie man erkennt, liegen notwendiges und hinreichendes Kriterium verhältnismäßig weit auseinander. Im Zwischenbereich könnte das Mutations-Selektions-Verfahren mit der geforderten Mindestwahrscheinlichkeit wei-

terkonvergieren, es muß aber nicht. Diese Unschärfe entsteht dadurch, daß wir einzig die anschaulichen Begriffe des sphärischen Umgebungsgebietes und des darin eingeschlossenen Erfolgsgebietes benutzt haben. Es mag durchaus möglich sein, ein genaueres Kriterium herzuleiten, indem man versucht, das Integral (5) exakter auszuwerten. Dazu wäre allerdings eine umfassendere Information über die Lage der Erfolgsgebiete im Variablenraum erforderlich. Doch gehört es gerade zum Wesen eines Optimierungsproblems, daß diese Information nicht vorhanden ist.

Ein Kriterium, das über die Konvergenz des Mutations-Selektions-Verfahrens entscheiden soll, kann also nur dazu dienen, uns eine ungefähre Vorstellung von den zulässigen und unzulässigen Formen eines „Qualitätsgebietes“ zu vermitteln. Gerade dafür sind die abgeleiteten Beziehungen (14) und (15) gut geeignet, da bereits eine relativ vage Vorstellung von der Topologie der Erfolgsgebiete ausreicht, um sie anwenden zu können.

Wir können jetzt die besonderen Eigenschaften des genetischen Codes (siehe Kapitel 6.2) besser verstehen. Durch das räumliche Zusammenrücken von Tauglichkeitswerten ungefähr gleicher Größe wird nämlich das Erfolgsgebiet G_0 in einer kleinen Umgebung U_0 vergrößert, wodurch sich die Erfolgswahrscheinlichkeit erhöht.

Die Kriterien (14) und (15) zeigen aber auch, daß die häufig gestellte Frage, ob das Mutations-Selektions-Verfahren auch bei mehreren Zwischenmaxima der Qualitätsfunktion das Hauptmaximum finden würde, nicht unmittelbar mit ja oder nein beantwortet werden kann. Ein Zwischenmaximum wird sich immer störend auf die Konvergenz des Verfahrens bemerkbar machen. Eine solche Stelle besitzt stets ein mehr oder minder großes Umgebungsgebiet, das nur Punkte mit einer Qualitätsverschlechterung enthält. Man muß die sphärische Testumgebung U_0 an einem lokalen Maximum größer wählen als an anderen Stellen der Qualitätsfunktion, ehe die Aussicht besteht, wieder ein Erfolgsgebiet G_0 einzuschließen. Um das hinreichende Kriterium (15) zu erfüllen, muß aber bei großem U_0 auch G_0 groß werden, was eine scharfe Bedingung darstellt.

Trotzdem kann man sich durchaus Funktionen vorstellen, die viele Zwischenmaxima besitzen und diese Bedingung sicher erfüllen. Das wäre z. B. der Fall, wenn sich die Zwischenmaxima einer Funktion der Größe nach geordnet so im Variablenraum verteilen würden, daß die entstehenden Lücken verhältnismäßig klein bleiben. Hier würde das Mutations-Selektions-Verfahren – im Gegensatz zu vielen anderen Optimierungsstrategien – noch immer völlig zufriedenstellend konvergieren.

14. Fortschrittsgeschwindigkeit des Mutations-Selektions-Verfahrens

Es war das Ziel des vorangegangenen Kapitels, das Konvergenzverhalten des Mutations-Selektions-Verfahrens abzuschätzen. Dabei wurde gefordert, daß an keiner Stelle der Qualitätsfunktion im Mittel mehr als $1/\delta$ Mutationsschritte aufgebracht werden müssen, um eine Qualitätsverbesserung zu erreichen.

Wir wollen nun versuchen, nach diesen qualitativen Überlegungen zu quantitativen Aussagen über die Konvergenz des Mutations-Selektions-Verfahrens zu gelangen. Gesucht sei ein Maß für die Konvergenzgeschwindigkeit des Verfahrens. Es mag zunächst auf der Hand liegen, direkt nach der mittleren Schrittzahl zu fragen, die benötigt wird, um das Maximum einer Qualitätsfunktion zu erreichen. Diese Schrittzahl hängt dann ab von:

- a) der Eigenart der Qualitätsfunktion,
- b) der Lage des Startpunktes und
- c) dem gewünschten Grad der Zielannäherung.

Um zu einer sinnvollen Fragestellung zu kommen, ist es notwendig, diese Fülle von Möglichkeiten einzuschränken. Wir wollen die plausible Annahme machen, daß die Geschwindigkeit des Fortschreitens an einer bestimmten Stelle des Parameterraumes in erster Linie durch die Form des Qualitätsgebirges im Umgebungsbereich der häufigsten Schrittweiten bestimmt wird. Wie die Qualitätsfunktion weiter entfernt vom gerade

durchlaufene n Gebiet beschaffen ist, dürfte auf die lokale Fortschrittsphase wenig Einfluß haben. Es liegt somit nahe, nach einem Fortschrittsmaß des Mutations-Selektions-Verfahrens innerhalb eines Bereiches des Parameterraumes zu suchen. Wir wollen danach fragen, wieviele Mutationen im Mittel erforderlich sind, um einen geeignet abgegrenzten Raumbereich zu durchqueren. Wir definieren

$$\varphi = \frac{\text{Zielannäherung im Raumbereich R}}{\text{Zahl der benötigten Mutationsschritte}}$$

und nennen φ die Fortschrittsgeschwindigkeit des Mutations-Selektions-Verfahrens im Bereich R des Parameterraumes.

Diese Festlegung hat den Vorteil, daß man zur Berechnung der Fortschrittsgeschwindigkeit φ in einem Bereich R des Parameterraumes nur noch den Verlauf der Qualitätsfunktion in diesem Bereich kennen muß. Möglicherweise läßt sich aber die Qualitätsfunktion innerhalb solcher Bereiche durch einfache mathematische Funktionen annähern. Die Zergliederung eines komplexen Vorganges in idealisierte Teilvorgänge ist ja eine häufig angewandte wissenschaftliche Verfahrensweise.

Wir denken uns also für die im folgenden entworfene Theorie eine gegebene Qualitätsfunktion aus einfachen Modellfunktionen zusammengesetzt. Betrachten wir als Beispiel eine dreiparametrische Qualitätsfunktion $Q(x_1, x_2, x_3)$. Das Bild 27 zeigt in einer perspektivischen Darstellung die Flächen gleicher Qualität einer solchen Funktion.

Die übereinandergeschichteten Schalen grenzen Erfolgs- und Mißerfolgsgebiete voneinander ab. Ihre geometrische Form und Lage ist ausschlaggebend für das Konvergenzverhalten der Evolutionsstrategie, die sich allein auf Erfolgs-Mißerfolgs-Entscheidungen gründet. Folgerichtig ist es deshalb, auch die Modellfunktionen nach der Geometrie der Erfolgs-Mißerfolgs-Grenzen zu klassifizieren. Beim Entwurf solcher Modelle wird man dann zunächst mit einfachen geometrischen Grundformen beginnen. Mögliche einfache Modellfunktionen zeigt das Bild 28. Für den Fall von drei Parametern werde die Berandung der Erfolgsgebiete z. B.

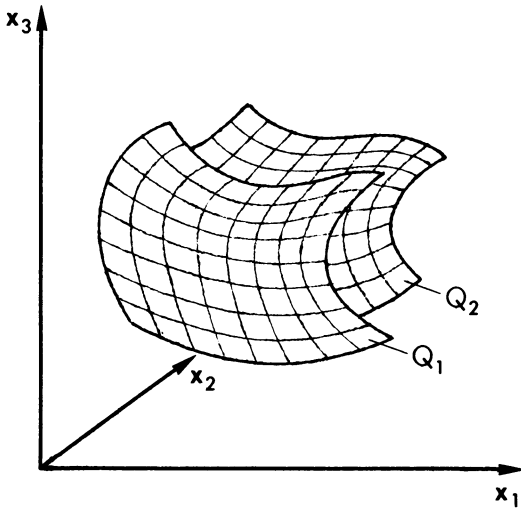


Bild 27. 3-dimensionale Funktion
– Flächen gleicher Qualität –

durch Quader (a), Kugeln (b), Ellipsoide (c), Rechteckzylinder (d), Kegel (e) oder Paraboloid (f) bestimmt. Sämtliche Modelle lassen sich formal auch auf n Dimensionen erweitern.

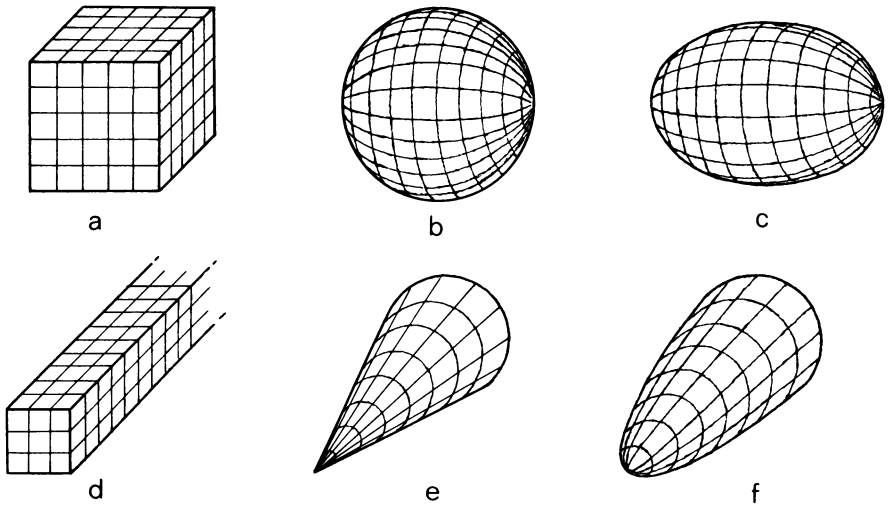


Bild 28. Modelle für Qualitätsfunktionen

Stellen wir uns vor, wir hätten für zahlreiche Modellfunktionen die Fortschrittsgeschwindigkeit φ errechnet und die Ergebnisse in einem Katalog gesammelt. Nun möchten wir für eine vorgegebene Qualitätsfunktion wissen, wie schnell das Mutations-Selektions-Verfahren an einzelnen Stellen konvergiert. Dann müssen wir in dem Katalog nach derjenigen Modellfunktion suchen, die sich in dem interessierenden Bereich an die gegebene Qualitätsfunktion am besten anpaßt. Die zugehörige Fortschrittsgeschwindigkeit gibt dann Aufschluß über das lokale Konvergenzverhalten des Evolutionsverfahrens.

Es soll hier bereits angedeutet werden, daß wir uns später für den Betrag der Fortschrittsgeschwindigkeit nicht einmal so sehr interessieren werden. Viel wichtiger wird es sein, diejenige Streuweite der Mutationschritte kennenzulernen, bei der die Fortschrittsgeschwindigkeit im gerade betrachteten Bereich ihren größtmöglichen Wert annimmt. Für die Praxis möchte man ferner wissen, welche Erfolgswahrscheinlichkeit zu dieser optimalen Mutationsstreuweite gehört. Wir werden deshalb verlangen, daß unser hypothetischer Katalog auch diese Größen enthält.

Somit wäre es an der Reihe, eine größere Anzahl von Modellfunktionen durchzurechnen. Bisher ist es allerdings nur für zwei verschiedene Modelle gelungen, die Werte der Fortschrittsgeschwindigkeit, optimalen Schrittweite und optimalen Erfolgswahrscheinlichkeit zu bestimmen. Dabei handelt es sich um das im Bild 28 skizzierte Modell b mit konzentrisch angeordneten Kugeln als Erfolgsgebiete und um das ebenfalls dort skizzierte Modell d mit axial verschobenen quadratischen Säulen als Erfolgsgebiete. Wir wollen im folgenden das Modell b als „Kugelmodell“ und das Modell d als „Korridormodell“ bezeichnen. Diese Benennungen sollen zugleich auch für die n-dimensionalen Erweiterungen beider Modelle gelten.

Es mag fragwürdig erscheinen, wenn man die Vielfalt möglicher Qualitätsfunktionen vorerst nur durch zwei verschiedene Modellfunktionen widerspiegeln möchte. Doch betrachten wir die Approximationseigenschaften beider Modelle etwas genauer: Das Kugelmodell scheint beson-

ders geeignet, das Verhalten einer beliebigen Qualitätsfunktion in der Nähe des Maximums nachzubilden. Umgekehrt zeigt das Korridormodell ein Verhalten, wie man es in Bereichen einer Qualitätsfunktion weit ab vom Maximum erwarten kann. Somit erscheint der Gedanke durchaus nicht abwegig, die Eigenschaften einer Qualitätsfunktion in erster Näherung durch diese beiden Modellfunktionen zu simulieren. Schließlich wird die Durchrechnung des Kugelmodells und des Korridormodells zu Ergebnissen führen, die sich gar nicht so sehr voneinander unterscheiden. Das ist erstaunlich, wenn man bedenkt, daß diese beiden Modelle gleichsam an den Enden einer Skala möglicher Eigenschaften stehen. Wenn sich aber die Konvergenzgrößen des Mutations-Selektions-Verfahrens in diesen beiden Extremfällen wenig voneinander unterscheiden, so besagt das, daß die Form der Qualitätsfunktion für den Evolutionsprozeß nicht so ausschlaggebend ist, wie man es eigentlich vermuten möchte. Diese Tatsache spricht für die Möglichkeit, das Verhalten einer beliebigen Qualitätsfunktion in erster Näherung bereichsweise durch das Kugelmodell oder das Korridormodell zu approximieren.

14.1 Das Korridormodell

Wir wollen die Variablen x_1, x_2, \dots, x_n einer Qualitätsfunktion als Koordinatenachsen eines n -dimensionalen euklidischen Raumes auffassen. Ein Punkt P' in diesem Raum beschreibt die augenblickliche Variableneinstellung. Geht man von dieser festgehaltenen Stelle probeweise zu anderen Punkten P über, so wird sich die Qualität teils verbessern, teils verschlechtern. Beim Korridormodell konzentriert sich die Menge der besseren Zustandspunkte in einem Schlauch. Dreidimensional verbildlicht hat dieser Korridor die Form einer unendlich langen quadratischen Säule. Für n Dimensionen muß man sich dieses Bild formal erweitert denken.

Veranschaulichen wir uns die Qualität $Q(x_1, x_2, \dots, x_n)$ wieder als eine im Variablenraum verteilte Dichte. Dann ist nur das Innere des Korridors mit Qualitätsdichte erfüllt, während der Außenraum überall dichtefrei bleibt. Innerhalb des Korridors verteilt sich die Dichte wie folgt: Sie wächst in einer Richtung der Korridorachse monoton an; sie ändert sich dagegen nicht in einer Querschnittsebene des Korridors (Bild 29).

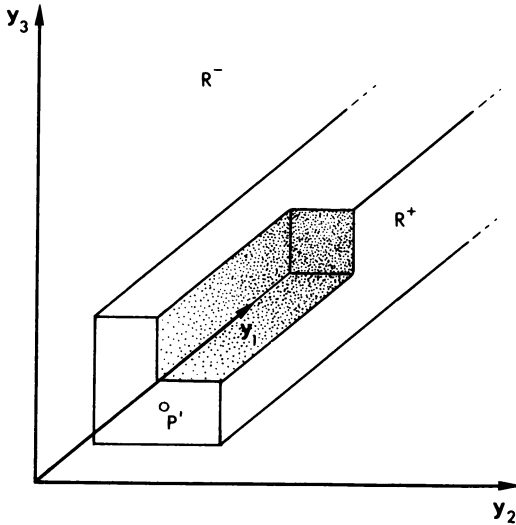


Bild 29. Qualitätsdichteverteilung beim Korridormodell

Wir führen ein neues Koordinatensystem y_1, y_2, \dots, y_n ein. Die y_1 -Achse sei Mittelachse des Korridors. Es sei b die halbe Breite der Seitenwände und $F(z)$ eine monoton ansteigende Funktion. Damit läßt sich die Qualitätsfunktion wie folgt mathematisch darstellen:

$$\begin{aligned}
 (16) \quad Q(y_1, y_2, \dots, y_n) &= F(y_1) && \text{für} && \begin{matrix} -b < y_2 < b \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ -b < y_n < b \end{matrix} \\
 Q(y_1, y_2, \dots, y_n) &= -\infty && && \text{sonst.}
 \end{aligned}$$

Es sei P' ein Punkt innerhalb des Korridors, von dem aus normalverteilte Zufallssprünge in den umliegenden Raum ausgeführt werden. Für jedes Raumelement besteht eine bestimmte Trefferwahrscheinlichkeit. Nun betrachten wir statt eines getroffenen Raumelementes einen Punkt P . Für diesen Punkt läßt sich eine Trefferwahrscheinlichkeitsdichte w_t angeben:

$$(17) \quad w_t(P' \rightarrow P) = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi} \epsilon} \right)^n e^{-\frac{1}{2\epsilon^2} [(y_1 - y'_1)^2 + (y_2 - y'_2)^2 + \dots + (y_n - y'_n)^2]} .$$

Die Zufallsschritte streuen gleichmäßig in alle Richtungen des Raumes. Aber nur in einem Teil des Raumes werden sie auf eine höhere Qualitätsdichte treffen als am Ausgangspunkt. Der säulenförmige Erfolgsraum des Korridormodells, der an der Stelle P' beginnt und sich auf der Seite ansteigender Qualität bis ins unendliche erstreckt, soll mit R^+ bezeichnet werden. Den übrigbleibenden Raumteil wollen wir entsprechend mit R^- kennzeichnen.

Die Regeln des vereinfachten Evolutionsschemas besagen, daß nach einem Zufallssprung $P' \rightarrow P$ der Punkt P' nur dann endgültig in die neue Lage P übergeht, wenn P im Raumbereich R^+ liegt. Diesen Sachverhalt wollen wir durch die Übergangswahrscheinlichkeit ausdrücken. Die Übergangswahrscheinlichkeit $w_{\ddot{u}}$ ist gleich der Trefferwahrscheinlichkeit im Raumbereich R^+ , sie ist dagegen gleich Null im Raumbereich R^- :

$$(18) \quad \begin{array}{ll} w_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) = w_t(P' \rightarrow P) & \text{für } P \in R^+ , \\ w_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) = 0 & \text{für } P \in R^- . \end{array}$$

Aus dieser Unsymmetrie der Übergangswahrscheinlichkeit ergibt sich ein positiver Erwartungswert der Zufallsschritte in Richtung der y_1 -Achse. Der Erwartungswert kennzeichnet den mittleren Weggewinn, den man vom Punkt P' aus im Durchschnitt erhoffen darf. Die Größe dieser lokalen Fortschrittserwartung läßt sich bestimmen, indem man vom festgehaltenen Ausgangspunkt P' alle möglichen Zufallssprünge mit der vor-

geschriebenen Häufigkeit durchführt, die Gewinnwerte der Erfolgsschritte einzeln aufsummiert und das Ergebnis durch die Gesamtzahl der Schritte dividiert.

Dieser Vorgang bedeutet in die Sprache der Mathematik übersetzt: Man multipliziert an jeder Stelle des Raumes die Übergangswahrscheinlichkeitsdichte nach Gleichung (18) mit dem dazugehörigen Gewinn. Als Gewinn zähle die Koordinatendifferenz $y_1 - y'_1$ eines Zufallsschrittes. Dann sind diese Produkte aus Wahrscheinlichkeitsdichte und Gewinn über den gesamten Raum R zu integrieren. Das Ergebnis ist schließlich durch das über den gleichen Raum erstreckte Integral der Trefferwahrscheinlichkeitsdichte zu dividieren. Dieses letzte Integral ist jedoch definitionsgemäß gleich Eins, da es sich dabei um das sichere Ereignis handelt, daß irgendein Punkt im Raum durch einen Zufallsschritt getroffen wird. Damit erhält man für die Fortschrittserwartung φ' an der Stelle P'

$$(19) \quad \varphi' = \int_R \overbrace{\dots}^n (y_1 - y'_1) w_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) dy_1 \dots dy_n \quad .$$

Beachtet man die Gleichungen (18), so ergibt sich

$$(20) \quad \varphi' = \int_{R^+} \overbrace{\dots}^n (y_1 - y'_1) w_t(P' \rightarrow P) dy_1 \dots dy_n \quad .$$

Die Integration ist längs des Korridors von der Stelle P' bis ins Unendliche und quer dazu für alle übrigen Koordinatenrichtungen von $-b$ bis $+b$ zu erstrecken. Wenn man dann den Ausdruck (17) für die Trefferwahrscheinlichkeitsdichte in dieses Integral einsetzt, so ergibt sich

$$(21) \quad \varphi' = \int_{y_1=y'_1}^{\infty} (y_1 - y'_1) e^{-\frac{1}{2\delta^2}(y_1 - y'_1)^2} dy_1 \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\delta} \right)^{n-1} \int_{y_2=-b}^b \dots \int_{y_n=-b}^b e^{-\frac{1}{2\delta^2}[(y_2 - y'_2)^2 + \dots + (y_n - y'_n)^2]} dy_2 \dots dy_n \quad .$$

Die Lösung dieses Integrals lautet:

$$(22) \quad \varphi' = \frac{6}{\sqrt{2\pi}} \left\{ \frac{1}{2} \left[\Phi\left(\frac{b-y_1'}{\sqrt{2}6}\right) + \Phi\left(\frac{b+y_1'}{\sqrt{2}6}\right) \right] \dots \frac{1}{2} \left[\Phi\left(\frac{b-y_n'}{\sqrt{2}6}\right) + \Phi\left(\frac{b+y_n'}{\sqrt{2}6}\right) \right] \right\} .$$

Dabei ist Φ das *Gaußsche Fehlerintegral*

$$(23) \quad \Phi(u) = \frac{2}{\sqrt{\pi}} \int_0^u e^{-z^2} dz .$$

Wie die Gleichung (22) zeigt, ist die Größe der Fortschrittserwartung φ' von der Lage des Punktes P' im Korridor abhängig. Die Fortschrittserwartung nimmt im Korridorzentrum den größten und in den Korridor-ecken den kleinsten Wert an. Wenn nun durch das Mutations-Auslese-Spiel der Aufenthaltspunkt den Korridor aufwärts wandert, dann wird er laufend andere Lagen im Korridorquerschnitt einnehmen. Führt man den Prozeß lange genug durch, so ergibt sich schließlich eine bestimmte durchschnittliche Aufenthaltshäufigkeit an jeder Stelle des Korridorquerschnitts.

Die Berechnung der Fortschrittsgeschwindigkeit

$$\varphi = \frac{\text{zurückgelegter Weg im Korridor}}{\text{Zahl der benötigten Mutationsschritte}}$$

begründet sich auf folgenden Gedankengang: Es wird ein Korridorelement betrachtet, das die Form einer dünnen, parallel zur Korridorachse laufenden Röhre hat. Das Mutations-Auslese-Spiel werde für längere Zeit durchgeführt. Von der Gesamtzahl der Aufenthaltspunkte, die den Weg des Punktes P' im Korridorraum markieren, wird ein bestimmter Anteil in das betrachtete Korridorelement fallen. Wir betrachten nur diese Punkte. Die Mutationen, die von diesen Punkten ausgehen, werden offenbar einzeln unterschiedliche Gewinne erzielen; doch im Mittel wird sich der zu dieser Querschnittsstelle des Korridors gehörende Erwartungswert nach Gleichung (22) einstellen. Um den insgesamt zurückgelegten Weg

im Korridor zu bestimmen, teilen wir den gesamten Korridorraum in derartige röhrenförmige Elemente auf. Dann müssen wir die zu jeder Querschnittsstelle gehörende Fortschrittserwartung mit der Zahl der Aufenthaltspunkte in der betreffenden Röhre multiplizieren und die Ergebnisse zusammenaddieren.

Die Lage der Aufenthaltspunkte im Korridor bestimmt der Zufall. In der Sprache der Wahrscheinlichkeitsrechnung gehört zu jeder Querschnittsröhre eine bestimmte Aufenthaltswahrscheinlichkeit. Wir betrachten jetzt eine unendlich dünne Querschnittslinie Q' mit den Koordinaten y'_2, y'_3, \dots, y'_n . Es sei w'_a die Aufenthaltswahrscheinlichkeitsdichte für die Korridorlängslinie. Wir multiplizieren an jeder Stelle des Korridorquerschnitts die Fortschrittserwartung φ' mit der Aufenthaltswahrscheinlichkeitsdichte w'_a . Integriert man diese Produkte über den Korridorquerschnitt, ergibt sich die Fortschrittsgeschwindigkeit φ :

$$(24) \quad \varphi = \int_{y'_2=-b}^b \cdots \int_{y'_n=-b}^b \varphi' w'_a \, dy'_2 \cdots dy'_n .$$

Zur Berechnung der Aufenthaltswahrscheinlichkeitsdichte w'_a zerspalten wir den Zufallsprozeß nach Gleichung (17) in zwei Teile:

$$(25) \quad w_t(p' \rightarrow p) = \underbrace{\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-\frac{1}{2\sigma^2}(y_1 - y'_1)^2}}_{w_t(y' \rightarrow y)} \underbrace{\left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma}\right)^{n-1} e^{-\frac{1}{2\sigma^2}[(y_2 - y'_2)^2 + \cdots + (y_n - y'_n)^2]}}_{w_t(a' \rightarrow a)} .$$

Der erste Teil stellt die Komponente des Zufallsschrittes in Längsrichtung des Korridors dar. Nun ändert sich aber die Korridor geometrie in dieser Richtung nicht. Deshalb kann diese Schritt komponente bei der Berechnung der Aufenthaltswahrscheinlichkeit gestrichen werden. Wir betrachten nur den Übergang von einer Querschnittsstelle zu einer anderen. Wir führen also in Gedanken in ein und demselben Korridorquerschnitt

normalverteilte Zufallssprünge $w(Q' \rightarrow Q)$ durch. Im n -dimensionalen Fall ist dieser Querschnitt ein $(n-1)$ -dimensionaler Würfel mit der Kantenlänge $2b$.

Nunmehr lautet das Problem: Gegeben ist ein würfelförmig abgegrenzter Raum. Man springt innerhalb dieses Raumes mit normalverteilter Übergangswahrscheinlichkeit von Punkt zu Punkt. Sprünge, die aus dem Raum herausführen, werden zum Ausgangspunkt zurückgelenkt. Gesucht ist die Aufenthaltshäufigkeit an jeder Stelle des Raumes, wenn man den Prozeß lange durchführt.

Wir wollen ohne Ableitung sofort die Lösung des Problems angeben. Überraschend besitzt jeder Punkt innerhalb des Raumes die gleiche Aufenthaltswahrscheinlichkeit. Beim $(n-1)$ -dimensionalen Würfel ergibt sich für die Dichte der Aufenthaltswahrscheinlichkeit

$$(26) \quad w'_a = 1 / (2b)^{n-1} .$$

Setzen wir nun die Ausdrücke für φ' nach Gleichung (22) und für w'_a nach Gleichung (26) in das Integral (24) ein, so folgt

$$(27) \quad \varphi = \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi} (4b)^{n-1}} \left\{ \int_{y'_2=-b}^b \left[\Phi \left(\frac{b-y'_2}{\sqrt{2}\frac{\sigma}{b}} \right) + \Phi \left(\frac{b+y'_2}{\sqrt{2}\frac{\sigma}{b}} \right) \right] dy'_2 \cdots \int_{y'_n=-b}^b \left[\Phi \left(\frac{b-y'_n}{\sqrt{2}\frac{\sigma}{b}} \right) + \Phi \left(\frac{b+y'_n}{\sqrt{2}\frac{\sigma}{b}} \right) \right] dy'_n \right\} .$$

Die Integrale lassen sich elementar auswerten. Die Lösung lautet:

$$(28) \quad \varphi = \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} \left[\Phi \left(\sqrt{2} \frac{b}{\sigma} \right) - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b} \left(1 - e^{-2\frac{b^2}{\sigma^2}} \right) \right]^{n-1} .$$

Es wird sich zeigen, daß wir diese Formel hauptsächlich für kleine Werte σ/b brauchen. Für diesen Fall gilt die Näherung

$$(29) \quad \varphi = \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} \left(1 - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b} \right)^{n-1} , \quad (\sigma/b \ll 1) .$$

Dabei wurde die asymptotische Darstellung des Fehlerintegrals benutzt

$$(30) \quad \Phi(u) \approx 1 - \frac{1}{\sqrt{\pi}} \frac{e^{-u^2}}{u}, \quad (u \gg 1).$$

Ein wichtiges Konvergenzmaß ist neben der Fortschrittsgeschwindigkeit die Erfolgswahrscheinlichkeit

$$W_e = \frac{\text{erfolgreiche Mutationsschritte}}{\text{Gesamtzahl der Mutationsschritte}}.$$

Von den ausgeführten Zufallsschritten wird nämlich nur ein Teil zum Fortschritt beitragen, während die übrigen Schritte „aussterben“. Bei der Anwendung des Evolutionsverfahrens spielt die Erfolgswahrscheinlichkeit eine wichtige Rolle. Läßt sich diese rechnerische Größe doch direkt mit der im Experiment beobachteten Erfolgshäufigkeit der Mutationen vergleichen.

Die Erfolgswahrscheinlichkeit an einer Stelle P' erhält man aus der Integration der Übergangswahrscheinlichkeitsdichte über den gesamten Raum R :

$$(31) \quad w_e' = \int_R \dots \int w_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) dy_1 \dots dy_n.$$

Man kann sich die Gleichung (31) auch aus der Gleichung (19) für die lokale Fortschrittsgeschwindigkeit entstanden denken, indem man dort die Fortschrittsbewertung fortläßt. Dann unterscheiden sich auch die übrigen Rechenschritte, die zur Bestimmung der mittleren Erfolgswahrscheinlichkeit jetzt durchgeführt werden müßten, von den Gleichungen (20) bis (27) nur darin, daß dieses Bewertungsglied fehlt. Wir wollen die analogen Rechenstufen überspringen und sogleich das Ergebnis mitteilen. Es ergibt sich für die mittlere Erfolgswahrscheinlichkeit

$$(32) \quad W_e = \frac{1}{2} \left[\Phi\left(\sqrt{2} \frac{b}{\sigma}\right) - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b} \left(1 - e^{-2\frac{b^2}{\sigma^2}}\right) \right]^{n-1}.$$

Für kleine Werte σ/b gilt die Näherung

$$(33) \quad w_e = \frac{1}{2} \left(1 - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b} \right)^{n-1}, \quad (\sigma/b \ll 1).$$

Überlegen wir uns jetzt, wie man das Korridormodell noch besser an die Wirklichkeit anpassen könnte. Bisher wurde eine statische Qualitätsfunktion vorausgesetzt. Jeder Punkt im Parameterraum besaß eindeutig eine bestimmte Qualität Q . Diese Vorstellung stimmt nur, wenn man in der mathematischen Ebene operiert und den Qualitätswert aus einer Rechenvorschrift gewinnt. Soll dagegen das Optimum eines technischen Systems in der experimentellen Ebene gefunden werden, dann muß die Qualität gemessen werden. Dabei sind Störungen unvermeidlich. Die Qualitätsfunktion ist bildlich gesprochen nicht mehr starr, sondern sie verhält sich eher wie ein „wabbelnder Pudding“. Die gemessene Qualität \tilde{Q} weicht um den Betrag δ vom wahren Wert Q ab:

$$(34) \quad \tilde{Q} = Q + \delta.$$

Die Größe des Fehlers δ ist natürlich für jede Messung verschieden. Schließt man systematische Fehler aus, dann kann man annehmen, daß sich die Fehlergröße nach einer *Gauß*schen Dichtefunktion verteilt (kleine Fehler treten häufiger auf als große). Die Stärke des Störrauschens soll durch die Streuung σ_R ausgedrückt werden:

$$(35) \quad w(\delta) = \frac{1}{\sqrt{2\pi} \sigma_R} e^{-\frac{1}{2\sigma_R^2} \delta^2}.$$

Wir betrachten jetzt fehlerhafte Meßwerte der Qualität an den beiden Stellen P' und P . Wir bilden die Differenz

$$(36) \quad \begin{aligned} \tilde{Q}(P) - \tilde{Q}(P') &= Q(P) - Q(P') + \delta(P) - \delta(P'), \\ \Delta \tilde{Q} &= \Delta Q + \varepsilon. \end{aligned}$$

Der Gesamtfehler ε setzt sich aus den voneinander unabhängigen Zufallsgrößen $\delta(P)$ und $\delta(P')$ zusammen. Man kann annehmen, daß beide Größen dem gleichen Fehlergesetz (35) gehorchen. Dann läßt sich für den Gesamtfehler das Verteilungsgesetz

$$(37) \quad w(\varepsilon) = \frac{1}{\sqrt{\pi} \cdot 2 \sigma_R} e^{-\frac{1}{4 \sigma_R^2} \varepsilon^2}$$

ableiten.

Das Vorzeichen der Qualitätsdifferenz (36) entscheidet über Erfolg oder Mißerfolg einer Mutation. Während im ungestörten Fall positives und negatives Vorzeichen eindeutig den Raumbereichen R^+ und R^- zugeordnet sind, können unter dem Einfluß von Störungen in beiden Räumen Plus- und Minusmutationen auftreten. Eine positive Qualitätsdifferenz wird nach (36) dann auftreten, wenn $\varepsilon > -\Delta Q$ ist. Dafür besteht die Wahrscheinlichkeit

$$(38) \quad W(\varepsilon > -\Delta Q) = \int_{\varepsilon = -\Delta Q}^{\infty} w(\varepsilon) d\varepsilon = \frac{1}{2} \left[1 + \Phi \left(\frac{\Delta Q}{2 \sigma_R} \right) \right].$$

Die Wahrscheinlichkeit, daß der Aufenthaltspunkt P' in die mutierte Lage P übergeht, setzt sich zusammen aus der Wahrscheinlichkeit, daß der Punkt P getroffen wird und der Wahrscheinlichkeit, daß an dieser Stelle eine positive Qualitätsdifferenz gemessen wird. In die Sprache der Wahrscheinlichkeitsrechnung übersetzt folgt daraus für die Übergangswahrscheinlichkeitsdichte unter dem Einfluß von Störungen

$$(39) \quad \tilde{w}_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) = w_{\ddot{t}}(P' \rightarrow P) W(\varepsilon > -\Delta Q).$$

Analog zur Gleichung (19) erhalten wir für die örtliche Fortschrittserwartung unter dem Einfluß von Störungen

$$(40) \quad \tilde{\varphi}' = \int \cdots \int_R^n (y_1 - y_1') \tilde{w}_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) dy_1 \cdots dy_n.$$

Der Integrand ist außerhalb des Korridors gleich Null. Man sieht das sofort, wenn man in (38) $\Delta Q = -\infty$ einsetzt. Jedoch verschwindet der Integrand nicht – wie im störungslosen Fall – in der unteren Korridorhälfte, sondern wir müssen diesmal über den gesamten Korridorraum integrieren. In der Gleichung (21) tritt an die Stelle des Integrals

$$(41) \quad \frac{1}{\sqrt{2\pi} \cdot 6} \int_{y_1=y_1'}^{\infty} (y_1 - y_1') e^{-\frac{1}{2 \cdot 6^2} (y_1 - y_1')^2} dy_1 = \frac{6}{\sqrt{2\pi}}$$

jetzt der Ausdruck

$$(42) \quad \frac{1}{2\sqrt{2\pi} \cdot 6} \int_{y_1=-\infty}^{\infty} (y_1 - y_1') e^{-\frac{1}{2 \cdot 6^2} (y_1 - y_1')^2} \left[1 + \Phi \left(\frac{y_1 - y_1'}{2 \cdot 6_R} \right) \right] dy_1 = \frac{\frac{6}{\sqrt{2} \cdot 6_R}}{\sqrt{1 + \frac{6^2}{2 \cdot 6_R^2}}} \cdot \frac{6}{\sqrt{2\pi}} .$$

wobei wir – um integrieren zu können – einen linearen Qualitätszuwachs längs des Korridors voraussetzen wollen. Die übrigen Integrale über die Variablen y_2, \dots, y_n ändern sich dagegen nicht. Ungestörte und gestörte Fortschrittsgeschwindigkeit unterscheiden sich daher am Ende der Rechnung um den gleichen Faktor wie die Integrale (41) und (42). Wir erhalten

$$(43) \quad \tilde{\varphi} = \frac{\frac{6}{\sqrt{2} \cdot 6_R}}{\sqrt{1 + \frac{6^2}{2 \cdot 6_R^2}}} \varphi .$$

Es wurde bereits festgestellt, daß bei der Bestimmung der Erfolgswahrscheinlichkeit die gleichen Rechenschritte durchlaufen werden wie bei der Bestimmung der Fortschrittsgeschwindigkeit. Die beiden Rechnungen unterscheiden sich nur darin, daß bei der Bestimmung der Erfolgswahrscheinlichkeit die Fortschrittsbewertung wegfällt. Das heißt aber, daß ungestörte und gestörte Erfolgswahrscheinlichkeit sich wiederum nur um den Faktor unterscheiden, um den die Integrale (41) und (42) differieren, wenn man $y_1 - y_1' = 1$ setzt. In diesem Fall ist aber die Lösung beider Integrale gleich $1/2$. Es gilt deshalb

$$(44) \quad \tilde{w}_e = w_e .$$

14.2 Das Kugelmodell

Bei diesem Modell ist die Qualitätsdichte kugelsymmetrisch im Parameterraum verteilt. Gleiche Qualität wird durch konzentrisch angeordnete Schalen von Hyperkugeln beschrieben. Die Qualität steigt mit abnehmendem Kugelradius monoton an und erreicht im Kugelzentrum den maximalen Wert (Bild 30).

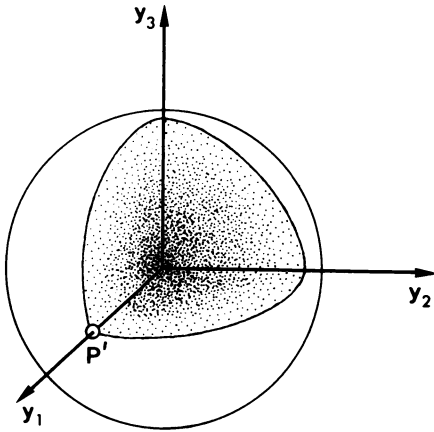


Bild 30. Qualitätsdichteverteilung beim Kugelmodell

Wir errichten ein dem Problem angepaßtes Koordinatensystem y_1, y_2, \dots, y_n mit dem Ursprung im Kugelzentrum. Es sei $F(z)$ wieder eine monoton ansteigende Funktion. Die Qualitätsfunktion läßt sich dann mathematisch wie folgt darstellen:

$$(45) \quad Q(y_1, y_2, \dots, y_n) = -F(\sqrt{y_1^2 + y_2^2 + \dots + y_n^2}) \quad .$$

Es sei P' ein Mutationsausgangspunkt im Abstand r' vom Koordinatenursprung. Wir denken uns das Koordinatensystem so gedreht, daß P' auf der y_1 -Achse liegt. Dann besitzt ein beliebiger Punkt im Abstand r vom Koordinatenursprung die Trefferwahrscheinlichkeitsdichte

$$(46) \quad w_t(P' \rightarrow P) = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi} \epsilon} \right)^n e^{-\frac{1}{2\epsilon^2} [(y_1 - r')^2 + y_2^2 + \dots + y_n^2]}$$

und die Übergangswahrscheinlichkeitsdichte

$$(47) \quad \begin{aligned} w_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) &= w_t(P' \rightarrow P) & \text{für} & \quad r \leq r', \\ w_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) &= 0 & \text{für} & \quad r > r'. \end{aligned}$$

Als Gewinn einer erfolgreichen Mutation werten wir im rotations-symmetrischen Fall die Radiendifferenz $r' - r$. Damit ergibt sich für die Fortschrittserwartung φ' an der Stelle P'

$$(48) \quad \begin{aligned} \varphi' &= \int \dots \int_R \overbrace{(r' - \sqrt{y_1^2 + \dots + y_n^2})}^n w_{\ddot{u}}(P' \rightarrow P) dy_1 \dots dy_n, \\ \varphi' &= \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi} \epsilon} \right)^n \int \dots \int_{y_1^2 + \dots + y_n^2 \leq r'^2} (r' - \sqrt{y_1^2 + \dots + y_n^2}) e^{-\frac{1}{2\epsilon^2} [(y_1 - r')^2 + \dots + y_n^2]} dy_1 \dots dy_n. \end{aligned}$$

Führen wir Kugelkoordinaten ein, so ergibt sich

$$(49) \quad \varphi' = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi} \epsilon} \right)^n e^{-\frac{r'^2}{2\epsilon^2}} \frac{2\pi^{\frac{n-1}{2}}}{\Gamma(\frac{n-1}{2})} \int_{r=0}^{r'} r^{n-1} (r' - r) e^{-\frac{r^2}{2\epsilon^2}} \int_{\varphi=0}^{\pi} e^{-\frac{r r'}{\epsilon^2} \cos \varphi} \sin^{n-2} \varphi d\varphi dr$$

Das zweite Integral rechts läßt sich durch die modifizierte *Bessel*-funktion $I_p(z)$ darstellen. Es gilt (siehe [47], S. 376)

$$(50) \quad \int_{\vartheta=0}^{\pi} e^{z \cos \vartheta} \sin^{2p} \vartheta d\vartheta = \frac{\sqrt{\pi} \Gamma(p + \frac{1}{2})}{(\frac{z}{2})^p} I_p(z) .$$

Ferner gebrauchen wir die Abkürzungen

$$(51) \quad u = r/r' \quad , \quad \alpha = (r'/\sigma)^2 \quad , \quad \nu = \frac{n}{2} \quad .$$

Mit (50) und (51) folgt dann aus (49)

$$(52) \quad \varphi'/r' = \alpha e^{-\frac{\alpha}{2}} \int_{u=0}^1 e^{-\frac{\alpha}{2}u^2} u^\nu (1-u) I_{\nu-1}(\alpha u) du .$$

Wir erinnern uns, daß beim Korridormodell φ' über den Korridorquerschnitt gemittelt werden mußte, um die Fortschrittsgeschwindigkeit zu erhalten. Im kugelsymmetrischen Fall tritt an die Stelle des ebenen Korridorquerschnitts die Kugelschale mit dem Radius r' . Da sich φ' auf der Kugelschale aber nicht ändert, erübrigt sich eine Mittelung.

Das Kernproblem ist nun die Lösung des Integrals (52). Nachfolgend wird eine asymptotische Lösung für $n \gg 1$ und $\sigma \ll r'$ erarbeitet. Wir werden weiter unten sehen, weshalb dieser Fall besonders wichtig ist. Wir erweitern (52) wie folgt:

$$(53) \quad \varphi'/r' = \alpha e^{-\frac{\alpha}{2}} \int_{u=0}^1 e^{-\frac{\alpha}{2}u^2} \left[u^\nu I_{\nu-1}(\alpha u) - u^{\nu+1} I_\nu(\alpha u) \right] du - \alpha e^{-\frac{\alpha}{2}} \int_{u=0}^1 e^{-\frac{\alpha}{2}u^2} u^{\nu+1} \left[I_{\nu-1}(\alpha u) - I_\nu(\alpha u) \right] du .$$

Durch partielle Integration findet man

$$(54) \quad \int_{u=0}^1 e^{-\frac{\alpha}{2}u^2} u^\nu I_{\nu-1}(\alpha u) du = \frac{1}{\alpha} e^{-\frac{\alpha}{2}} \sum_{k=0}^{\infty} I_{\nu+k}(\alpha) .$$

Wir setzen in das erste Integral die entsprechenden Summenausdrücke (54) ein und erhalten

$$(55) \quad \varphi'/r' = e^{-\alpha} I_\nu(\alpha) - \alpha e^{-\frac{\alpha}{2}} \int_{u=0}^1 e^{-\frac{\alpha}{2}u^2} u^{\nu+1} \left[I_{\nu-1}(\alpha u) - I_\nu(\alpha u) \right] du .$$

Nun gilt (siehe [47], S. 483)

$$\int_{t=0}^z e^t t^{\nu-1} I_{\nu-1}(t) dt = \frac{e^z z^\nu}{2^{\nu-1}} \left[I_{\nu-1}(z) - I_\nu(z) \right] .$$

Daraus folgt durch partielle Integration

$$I_{\nu-1}(z) - I_\nu(z) = \frac{2^{\nu-1}}{2z} I_{\nu-1}(z) - \underbrace{\frac{2^{\nu-1}}{2e^z z^\nu} \int_{t=0}^z e^t t^{\nu-1} [I_{\nu-2}(t) - I_{\nu-1}(t)] dt}_R .$$

Um die Grenzen von R zu bestimmen, setzen wir einmal

$$I_{\nu-2}(t) := I_{\nu-1}(t)$$

und ein zweitesmal

$$I_{\nu-2}(t) := I_{\nu-3}(t) = \frac{2(\nu-2)}{t} I_{\nu-2}(t) + I_{\nu-1}(t) ,$$

wobei der letzte Ausdruck aus der Rekursionsformel für die *Bessel*-funktion folgt. Es ergibt sich damit die Eingrenzungsformel

$$I_{\nu-1}(z) - I_\nu(z) = \frac{\nu-1/2}{z} I_{\nu-1}(z) - \delta \frac{(\nu-1/2)(\nu-2)}{z^2} I_{\nu-2}(z) , \quad (0 < \delta < 1) .$$

Für $\nu \gg 1$ und $\nu/a \ll 1$ folgt aus der letzten Gleichung

$$(56) \quad I_{\nu-1}(z) - I_\nu(z) \approx \frac{\nu}{z} I_{\nu-1}(z) .$$

Wir setzen (56) in das Integral der Gleichung (55) ein und finden unter Berücksichtigung von (54)

$$(57) \quad \varphi'/r' = e^{-a} I_\nu(a) - \frac{\nu}{a} e^{-a} \sum_{k=0}^{\infty} I_{\nu+k}(a) .$$

Mit Hilfe des Integrals

$$\int_{t=0}^{\alpha} e^{-t} I_{\nu}(t) dt = \alpha e^{-\alpha} \left[I_{\nu-1}(\alpha) + I_{\nu}(\alpha) \right] - 2\nu e^{-\alpha} \sum_{k=0}^{\infty} I_{\nu+k}(\alpha),$$

auf dessen Ableitung wir hier verzichten, wird der Summenausdruck in (57) eliminiert. Es ergibt sich unter Berücksichtigung von (56)

$$(58) \quad \varphi'/r' = \frac{1}{2\alpha} \int_{t=0}^{\alpha} e^{-t} I_{\nu}(t) dt - e^{-\alpha} \frac{\nu}{2\alpha} I_{\nu-1}(\alpha).$$

Die *Debyesche* Reihe gibt eine asymptotische Darstellung der *Bessel*-funktion (siehe [48], S. 148). Setzt man $s = \sqrt{a^2 + \nu^2}$, so gilt

$$(59) \quad I_{\nu}(\alpha) \approx \frac{1}{\sqrt{2\pi s}} e^{-s-\nu \operatorname{artgh} \frac{\nu}{s}}, \quad (s \gg 1, \nu^2 \ll s^3).$$

Wir entwickeln (59) nach Potenzen von ν/a und finden

$$(60) \quad I_{\nu}(\alpha) \approx \frac{1}{\sqrt{2\pi\alpha}} e^{\alpha - \frac{\nu^2}{2\alpha}}, \quad (\nu/a \ll 1).$$

Mit Hilfe der Näherung (60) läßt sich das Integral in (58) elementar lösen. Nun gilt (60) aber nur für $t \gg \nu$, während die Integration bei $t = 0$ beginnt. Es soll hier angenommen werden, daß der dadurch entstehende Fehler klein bleibt, zumal der Integrand mit kleiner werdendem t schnell gegen Null strebt. Wir erhalten dann für (58) die Lösung

$$(61) \quad \varphi'/r' = \frac{1}{\sqrt{2\pi\alpha}} e^{-\frac{\nu^2}{2\alpha}} - \frac{\nu}{2\alpha} \left[1 - \Phi\left(\frac{\nu}{\sqrt{2\alpha}}\right) \right] - \frac{\nu}{2\alpha} \frac{1}{\sqrt{2\pi\alpha}} e^{-\frac{(\nu-1)^2}{2\alpha}},$$

wobei das letzte Glied wegen $\nu/a \ll 1$ vernachlässigt werden darf. Wir gehen nun von den Abkürzungen (51) wieder ab und finden als Endergebnis

$$(62) \quad \varphi' = \frac{\epsilon}{\sqrt{2\pi}} \left\{ e^{-\left(\frac{n\epsilon}{\sqrt{8}r'}\right)^2} - \sqrt{\pi} \frac{n\epsilon}{\sqrt{8}r'} \left[1 - \Phi\left(\frac{n\epsilon}{\sqrt{8}r'}\right) \right] \right\}, \quad \begin{array}{l} (n \gg 1) \\ \left(\frac{n\epsilon^2}{r'^2} \ll 1\right). \end{array}$$

Als nächstes wollen wir die Erfolgswahrscheinlichkeit W_e' für den Punkt P' im Abstand r' vom Kugelzentrum berechnen. Dazu müssen wir – wie beim Korridormodell – in der Ausgangsgleichung für die Fortschrittsgeschwindigkeit lediglich die Fortschrittsbewertung weglassen. Das bedeutet, daß wir in der Gleichung (49) den Ausdruck $(r'-r)$ streichen müssen. Darauf folgen die gleichen Rechenschritte wie bei der Bestimmung von φ' . Das Endergebnis lautet:

$$(63) \quad W_e' = \frac{1}{2} \left[1 - \Phi\left(\frac{n\epsilon}{\sqrt{8}r'}\right) \right], \quad \left(n \gg 1, \frac{n\epsilon^2}{r'^2} \ll 1 \right).$$

Für das Korridormodell war es ferner möglich, Fortschrittsgeschwindigkeit und Erfolgswahrscheinlichkeit beim Vorhandensein eines Störrauschens zu berechnen. Das ist für das Kugelmodell bisher noch nicht gelungen.

15. Optimales Fortschreiten beim Korridor- und Kugelmodell

Es ist das Ziel dieses sowie des nächsten Kapitels, aus den theoretischen Ergebnissen für das Korridor- und Kugelmodell praktische Schlußfolgerungen zu ziehen. Der Übersichtlichkeit halber seien die abgeleiteten Formeln für die Fortschrittsgeschwindigkeit und Erfolgswahrscheinlichkeit hier nochmals zusammengestellt:

a) Korridormodell

$$\varphi = \frac{\epsilon}{\sqrt{2\pi}} \left(1 - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\epsilon}{b} \right)^{n-1} \quad (\epsilon/b \ll 1)$$

$$W_e = \frac{1}{2} \left(1 - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\epsilon}{b} \right)^{n-1},$$

b) Korridormodell mit Störuschen

$$\tilde{\varphi} = \frac{\frac{\sigma}{\sqrt{2} \sigma_R}}{\sqrt{1 + \frac{\sigma^2}{2\sigma_R^2}}} \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} \left(1 - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b}\right)^{n-1} \quad (\sigma/b \ll 1)$$

$$\tilde{W}_e = \frac{1}{2} \left(1 - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b}\right)^{n-1},$$

c) Kugelmodell

$$\varphi' = \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} \left\{ e^{-\left(\frac{n\sigma}{\sqrt{8}r'}\right)^2} - \sqrt{\pi} \frac{n\sigma}{\sqrt{8}r'} \left[1 - \Phi\left(\frac{n\sigma}{\sqrt{8}r'}\right)\right] \right\}$$

$$W_e' = \frac{1}{2} \left[1 - \Phi\left(\frac{n\sigma}{\sqrt{8}r'}\right)\right] \quad (n \gg 1, \frac{n\sigma^2}{r'^2} \ll 1).$$

Wir fragen jetzt nach derjenigen Streuung σ , bei der die Fortschrittsgeschwindigkeit zu einem Maximum wird. Durch Nullsetzen der ersten Ableitung ergibt sich:

Im Fall a)

$$\left(1 - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b}\right) - (n-1) \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b} = 0.$$

Daraus folgt unmittelbar

$$(64) \quad \sigma_{opt} = b \frac{\sqrt{2\pi}}{n}.$$

Im Fall b)

$$\frac{n+1}{\sqrt{2\pi}} \left(\frac{\sigma}{b}\right)^3 - \left(\frac{\sigma}{b}\right)^2 + \frac{n+1}{\sqrt{2\pi}} \frac{2\sigma_R^2}{b^2} \frac{\sigma}{b} - 4 \frac{\sigma_R^2}{b^2} = 0.$$

Daraus folgt unter der Voraussetzung $n \gg 1$ und $\sigma/b \ll 1$

$$(65) \quad \sigma_{opt} = 2b \frac{\sqrt{2\pi}}{n}.$$

Im Fall c)

$$2\sqrt{\pi} \frac{n\bar{\sigma}}{\sqrt{8}r'} \left[1 - \Phi\left(\frac{n\bar{\sigma}}{\sqrt{8}r'}\right) \right] - e^{-\left(\frac{n\bar{\sigma}}{\sqrt{8}r'}\right)^2} = 0 .$$

Daraus folgt durch Iteration

$$(66) \quad \bar{\sigma}_{\text{opt}} = r' \frac{1,224}{n} .$$

Es fällt auf, daß die drei Formeln für σ_{opt} gleich aufgebaut sind. Für optimales Fortschreiten muß die Streuung σ stets proportional mit $1/n$ abnehmen. Da die wahre Größe eines Zufallsschrittes im Raum mit $\sqrt{n}\sigma$ ansteigt (σ bezieht sich auf nur eine Zufallskomponente), muß die Schrittweite mit steigender Zahl der Variablen proportional mit $1/\sqrt{n}$ abfallen. Bemerkenswert ist ferner, daß für das Korridormodell die Schrittweite bei Vorhandensein eines Störrauschens gerade verdoppelt werden muß.

Für die Praxis nützen die angegebenen Formeln für σ_{opt} jedoch wenig. Auch wenn man annimmt, daß sich die Qualitätsfunktion bereichsweise durch das Korridor- oder Kugelmodell approximieren läßt, bleibt b bzw. r' unbekannt. Wir setzen deshalb die Ausdrücke für σ_{opt} in die zugehörigen Formeln für die Erfolgswahrscheinlichkeit ein. Es ergibt sich:

für das Korridormodell

$$(67) \quad W_{e_{\text{opt}}} = \frac{1}{2e} \quad (n \gg 1) ,$$

für das Korridormodell mit Störrauschen

$$(68) \quad \tilde{W}_{e_{\text{opt}}} = \frac{1}{2e^2} \quad (n \gg 1)$$

und für das Kugelmodell

$$(69) \quad W'_{e_{\text{opt}}} = 0,270 \quad (n \gg 1) .$$

Dabei ergeben sich die Formeln (67) und (68) mit Hilfe des Grenzüberganges $\lim_{n \rightarrow \infty} (1-1/n)^n = 1/e$ (e = Basis der natürlichen Logarithmen). Doch sind alle drei Formeln bereits für $n > 5$ brauchbar.

Mit der optimalen Erfolgswahrscheinlichkeit besitzen wir eine äußerst nützliche Regel, um die beste Schrittweite während eines Optimierungsvorganges einzustellen. Zunächst stellen wir fest, daß sich die Werte $W_{e \text{ opt}}$ für das Korridormodell und das Kugelmodell nur wenig voneinander unterscheiden. Um mit maximaler Geschwindigkeit fortzuschreiten, müßte beim Korridormodell jede 5,4te Mutation und beim Kugelmodell jede 3,7te Mutation im Durchschnitt ein Erfolg sein. Wir wählen deshalb als Mittelwert für die beste Erfolgshäufigkeit den Wert $1/5$. Ist also während der Optimierung $W_e < 1/5$, dann verkleinern wir die Schrittweite, ist dagegen $W_e > 1/5$, dann vergrößern wir die Schrittweite.

Der Wert $W_e \approx 1/5$ gilt jedoch nur, wenn keine Störungen die Qualität verfälschen. Das würde zutreffen, wenn man das Mutations-Selektions-Verfahren zur Lösung einer Optimierungsaufgabe auf einem Rechenautomaten anwendet. Bei der experimentellen Optimierung muß aber stets mit Störungen durch Meßfehler gerechnet werden. Für das Korridormodell gilt bei Vorhandensein eines Störtausches $\tilde{W}_{e \text{ opt}} = 1/14,8$. Es sei angenommen, daß beim Kugelmodell mit Störtauschen die optimale Erfolgswahrscheinlichkeit wieder etwas größer ist (man vergleiche den störungslosen Fall). Deshalb sollte für die experimentelle Optimierung ein Wert $\tilde{W}_{e \text{ opt}} = 1/10$ angemessen sein.

16. Vergleich des Mutations-Selektions-Verfahrens mit der Gradientenstrategie

Für die Fortschrittsgeschwindigkeit der experimentellen Gradientenstrategie gilt die einfache Formel

$$(70) \quad \varphi_{\text{grad}} = \frac{S}{n+1} \cdot$$

Wir erinnern an den Algorithmus dieser Strategie (siehe Kapitel 8.1): Im n -dimensionalen Fall müssen $n + 1$ Qualitätsmessungen durchgeführt werden; eine am gegenwärtigen Aufenthaltspunkt und n weitere an den Endpunkten der Prüfschritte $\Delta x_1, \Delta x_2, \dots, \Delta x_n$. Die Zahl der Versuche gehört aber nach der Definition der Fortschrittsgeschwindigkeit unter den Bruchstrich. Aus den gemessenen Qualitätsänderungen $\Delta Q_1, \Delta Q_2, \dots, \Delta Q_n$ läßt sich dann die Richtung des steilsten Qualitätsanstieges berechnen. Der in dieser Richtung durchgeführte Arbeitsschritt der Länge s steht definitionsgemäß über dem Bruchstrich der Fortschrittsformel.

Der geschilderte Algorithmus arbeitet nur, wenn die Prüf- und Arbeitsschritte genügend klein gewählt werden, so daß sich die Qualitätsfunktion im Bereich der Schrittweiten durch eine nach dem linearen Glied abbrechende *Taylor*-Reihe approximieren läßt. Im Gegensatz dazu arbeitet das Mutations-Selektions-Verfahren erst dann optimal, wenn die Schrittweite über den linearen Funktionsbereich hinausragt. Das ist daran zu erkennen, daß für das Korridormodell sowie für das Kugelmodell die optimale Erfolgswahrscheinlichkeit $W_{e\text{opt}} < 0,5$ ist. Würden nämlich beim Evolutionsverfahren die Mutationsschritte nur in den Bereich linearen Funktionsverhaltens fallen, so wäre $W_e = 0,5$. Eine lineare Qualitätsfunktion teilt den Raum in zwei gleiche Hälften; in der einen Hälfte befinden sich alle Punkte mit einer Qualitätsverbesserung, in der anderen alle Punkte mit einer Qualitätsverschlechterung.

Obgleich wir also wissen, daß das Mutations-Selektions-Verfahren erst dann optimal arbeitet, wenn die Schritte über den linearen Funktionsbereich hinausragen, wollen wir zum Vergleich des Evolutionsverfahrens mit der Gradientenstrategie in beiden Fällen die gleiche Schrittweite benutzen. Wir ermitteln für die normalverteilten Zufallsschritte eine mittlere Schrittweite, indem wir von einem Punkt aus in Gedanken eine große Zahl von Zufallssprüngen durchführen, die zurückgelegten Wege aneinanderfügen und die Gesamtstrecke durch die Zahl der Versuche dividieren. Mathematisch ausgedrückt: Man multipliziere an jeder Stelle des Raumes die Trefferwahrscheinlichkeitsdichte mit der zugehörigen Schrittwei-

te, integriere die Produkte über den gesamten Raum auf und dividiere das Ergebnis durch das über den gleichen Raum erstreckte Integral der Trefferwahrscheinlichkeitsdichte. Das letzte Integral ist aber definitionsgemäß gleich Eins. Somit ergibt sich

$$(71) \quad s = \left(\frac{1}{\sqrt{2\pi}\epsilon} \right)^n \int \cdots \int_R \sqrt{z_1^2 + z_2^2 + \cdots + z_n^2} e^{-\frac{1}{2\epsilon^2}(z_1^2 + z_2^2 + \cdots + z_n^2)} dz_1 dz_2 \cdots dz_n.$$

Nehmen wir wieder Kugelkoordinaten zu Hilfe, so erhalten wir

$$(72) \quad s = \frac{2^{1-\frac{n}{2}}}{\epsilon^n \Gamma(\frac{n}{2})} \int_{r=0}^{\infty} r^n e^{-\frac{1}{2\epsilon^2}r^2} dr.$$

Das Integral läßt sich elementar lösen. Wir erhalten das Endergebnis

$$(73) \quad s = \epsilon \sqrt{2} \frac{\Gamma(\frac{n+1}{2})}{\Gamma(\frac{n}{2})}.$$

Für $n \gg 1$ ergibt sich unter Verwendung von (13)

$$(74) \quad s = \epsilon \sqrt{n}.$$

Die Fortschrittsgeschwindigkeit für eine linearisierte Qualitätsfunktion findet man, indem man beim Korridormodell $b \rightarrow \infty$ bzw. beim Kugelmodell $r' \rightarrow \infty$ gehen läßt. Es ergibt sich in beiden Fällen

$$(75) \quad \varphi = \frac{\epsilon}{\sqrt{2\pi}}.$$

Wir setzen (73) in (75) ein und erhalten

$$(76) \quad \varphi = \frac{s}{2\sqrt{\pi}} \frac{\Gamma(\frac{n}{2})}{\Gamma(\frac{n+1}{2})}.$$

Das Bild 31 zeigt den Vergleich der Formel (70) mit der Formel (76). Ab $n > 3$ besitzt das Mutations-Selektions-Verfahren eine höhere Fort-

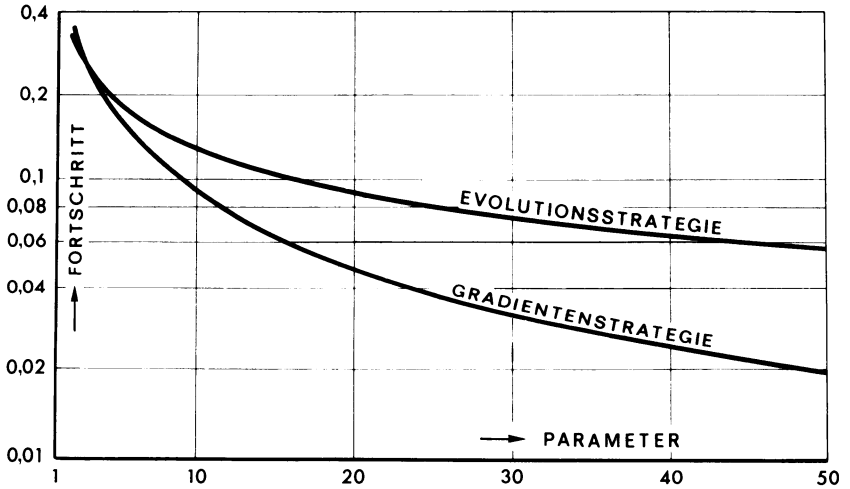


Bild 31. Fortschrittsgeschwindigkeit der Gradienten- und Evolutionsstrategie für eine lineare Qualitätsfunktion

schriftsgeschwindigkeit als die Gradientenstrategie. Die Überlegenheit des Evolutionsverfahrens gegenüber der Gradientenstrategie nimmt mit steigender Zahl n der Parameter zu.

Diese Tendenz wird deutlich, wenn wir für die Schrittweite statt (73) die Näherung (74) in die Gleichung (75) einsetzen. Es ergibt sich dann

$$(77) \quad \varphi = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{s}{\sqrt{n}} \quad , \quad (n \gg 1) .$$

Während die Fortschrittsgeschwindigkeit bei der Gradientenstrategie proportional mit $1/n$ abnimmt, verringert sie sich beim Mutations-Selektions-Verfahren nur proportional mit $1/\sqrt{n}$. Dieses Ergebnis erhält auch *L. A. Rastrigin* [49], der ein Zufallssuchverfahren mit konstanter Schrittweite untersucht.

Wir wollen aber festhalten, daß dieser Vergleich nur für eine lineare Qualitätsfunktion richtig ist. Für die Praxis ist dieser Fall jedoch uninteressant. Tatsächlich soll dieses Kapitel etwas anderes zeigen: Eine plan-

voll durchdachte Handlungsfolge, wie sie bei der Gradientenstrategie durchgeführt wird, muß nicht notwendigerweise effektiver sein als ein spontan ausgeführter Zufallsschritt. Man muß den Gesamtaufwand sehen. Bei der Gradientenstrategie müssen erst in Vorversuchen die Qualitätsanstiege in sämtlichen n Parameterrichtungen bestimmt werden. Hat man diese Informationen, dann erreicht man allerdings den größtmöglichen Gewinn, nämlich Fortschreiten in Richtung des steilsten Anstiegs. Bei der einfachen Evolutionsstrategie liegen die Verhältnisse gerade umgekehrt: Die Chance ist sehr gering, mit einem Zufallsschritt optimal voranzukommen, d. h. die Gradientenrichtung zu treffen. Der Fortschritts Gewinn eines Zufallsschrittes ist also im Mittel sehr klein (bei einem Mißerfolg sogar Null). Dieser kleine Gewinn wird aber dafür im Mittel bei jedem zweiten Schritt (linear) bzw. jedem fünften Schritt (optimal, nicht linear) erreicht.

Das Beispiel in diesem Kapitel zeigt also, daß mit zunehmender Parameterzahl die Hilfsoperationen einer determinierten Strategie zu einem größeren Fortschrittsverlust führen können als die unvermeidbaren Abweichungen der Schrittvektoren einer Zufallsstrategie von der optimalen Fortschrittsrichtung.

Schluß

17. Zusammenfassung

Einleitend wird die Hypothese aufgestellt, daß die biologische Evolution eine optimale Strategie zur Anpassung der Lebewesen an ihre Umwelt darstellt. Die Hypothese wird damit begründet, daß Organismen mit Vererbungsmechanismen, die zu einer schnellen stammesgeschichtlichen Umweltpassung führen, gegenüber den sich langsam anpassenden Arten einen von Generation zu Generation zunehmenden Selektionsvorteil erlangen.

Es bietet sich deshalb an, die Prinzipien der biologischen Evolution auch zur Optimierung technischer Systeme heranzuziehen. Im Teil A der Arbeit werden Experimente beschrieben, die zeigen, daß sich bereits das einfache biologische Prinzip der Mutation und Selektion mit Erfolg zur Entwicklung strömungsgünstigster Körperformen sowie zur Optimierung eines Reglers anwenden läßt.

Um das biologische Evolutionsgeschehen genauer zu kopieren, wird im Teil B der Arbeit von einer Modellvorstellung Gebrauch gemacht, die gleichermaßen für die technische und biologische Entwicklung gilt: Die technische Entwicklung wird als eine Punktfolge gedeutet, die im Parameterraum zur Stelle maximaler Qualitätsdichte konvergiert; entsprechend wird die biologische Entwicklung als eine Punktfolge angesehen, die im sogenannten Nukleotidraum zur Stelle maximaler Tauglichkeitsdichte strebt. Damit ist es möglich, mathematische Suchschrittverfahren zur Approximation eines Optimums im Parameterraum mit den biologischen Verfahren des Neusetzens und Streichens von Genotypen im Nukleotid-

raum zu vergleichen. Durch diese Gegenüberstellung lassen sich die wirksamen Prinzipien der biologischen Evolution genau erkennen und in die mathematisch-technische Ebene übertragen. Es kann dann an einem Beispiel gezeigt werden, daß eine höhere Nachahmungsstufe der biologischen Evolution in der Tat schneller zur Lösung konvergiert als das einfache Mutations-Selektions-Verfahren.

Im Teil C der Arbeit wird das Konvergenzverhalten des einfachen Mutations-Selektions-Verfahrens theoretisch untersucht. Es kann ein notwendiges und ein hinreichendes Konvergenzkriterium für das Verfahren aufgestellt werden. Ferner werden für zwei spezielle Modelle von Qualitätsfunktionen (Korridormodell und Kugelmodell) Formeln für die Fortschrittsgeschwindigkeit und die Erfolgswahrscheinlichkeit des Mutations-Selektions-Verfahrens abgeleitet. Die optimale Fortschrittsgeschwindigkeit wird erreicht, wenn beim Korridormodell im Mittel jede 5,4te und beim Kugelmodell im Mittel jede 3,7te Mutation erfolgreich ist. Abschließend wird gezeigt, daß für den Sonderfall einer linearen Qualitätsfunktion das Mutations-Selektions-Verfahren bei vielen Parametern um den Faktor $\sqrt{n/2\pi}$ (n =Zahl der Parameter) schneller konvergiert als eine experimentelle Gradientenstrategie.

18. Die lernende Population

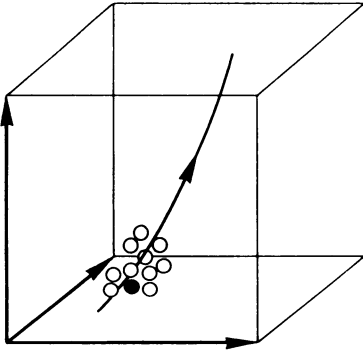
Die Evolutionsstrategie könnte noch schneller konvergieren, wenn sich die Mutationsschrittweiten selbsttätig in einem Lernprozeß der lokalen Topologie des Qualitätsdichtefeldes anpassen würden, und zwar derart, daß maximale Fortschrittsgeschwindigkeit erreicht wird. Für schnelles Fortschreiten wäre es z. B. beim Korridormodell günstig, wenn der Mutationsmechanismus lernen würde, bevorzugt in Richtung der Korridorachse zu variieren. Ferner müßte für eine gleichförmige Zielerreichung beim Kugelmodell die Mutationsschrittweite mit kleiner wer-

dendem Zielabstand abnehmen; denn nur so könnte das Optimum mit steigender Mutationszahl immer genauer approximiert werden.

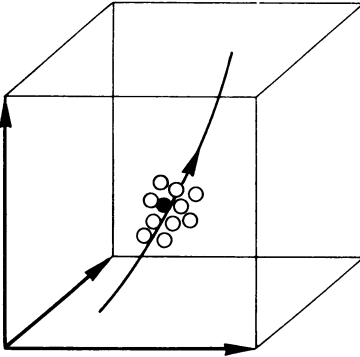
Die Maximierung der örtlichen Fortschrittsgeschwindigkeit bildet ein zusätzliches Optimierungsproblem, das der Grundaufgabe der technischen Systemoptimierung überlagert ist. Es wäre denkbar, zur Maximierung der Fortschrittsgeschwindigkeit ebenfalls das Mutations-Selektions-Verfahren zu verwenden. Angenommen, zur Erzeugung der Parametervariationen Δx_1 bis Δx_n sind die Streuungen σ_1 bis σ_n als Anfangswerte vorgegeben. Wir messen die mit diesen Streuungswerten erreichte Fortschrittsgeschwindigkeit φ im Bereich R des Parameterraumes. Nunmehr ändern wir die Streuungen σ_1 bis σ_n um kleine Zufallsbeträge ab. Wir gehen zum Startpunkt der vorangegangenen Messung zurück und ermitteln erneut die Fortschrittsgeschwindigkeit φ^* im Raumbereich R. Die veränderten Streuungswerte werden beibehalten, wenn $\varphi^* \geq \varphi$ ist; dagegen werden die ursprünglichen Werte weiterverwendet, wenn $\varphi^* < \varphi$ ist.

Sehr wahrscheinlich wird in der Natur die Fortschrittsgeschwindigkeit auf ähnliche Weise optimiert. Dabei durchläuft allerdings nicht ein Genotyp mit unterschiedlichem Mutationsverhalten zweimal ein und dieselbe Entwicklungsphase, sondern viele Genotypen einer Population durchqueren gleichzeitig ein bestimmtes Gebiet im Nukleotidraum. Wenn dann noch – wie die Beobachtung bestätigt [50] – die spontane Mutabilität eines Organismus unter genetischer Kontrolle steht, so werden diejenigen Genotypen mit der günstigsten Mutabilität im Nukleotidraum bald die Front der in Richtung ansteigender Tauglichkeitsdichte fortschreitenden Punktwolke einnehmen. Die langsamen Genotypen bleiben immer mehr zurück und sterben aus.

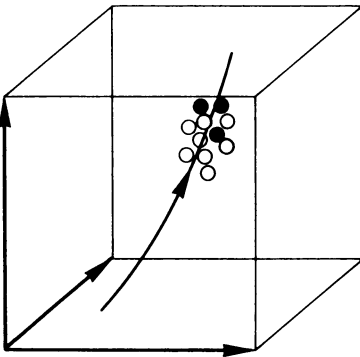
Das Bild 32 veranschaulicht nochmals, wie dieser Vorgang im Nukleotidraum „paläontologisch“ abläuft: Die verschiedenen Genotypen einer Population werden durch Punkte symbolisiert. Der Pfeil kennzeichnet die Richtung zunehmender Tauglichkeitsdichte. Der zum schwarzen Punkt gehörige Genotyp möge die günstigste Mutabilität aufweisen (Zustand a). Günstigste Mutabilität heißt, daß er sich schneller höherentwickelt als die



a *Der schwarze Genotyp besitzt die günstigste Mutabilität und damit innerhalb der Gruppe die höchste Evolutionsgeschwindigkeit.*



b *Er rückt nach einigen Generationen in Richtung ansteigender Tauglichkeitsdichte zur Spitze der Gruppe vor.*



c *Während die zurückbleibenden Genotypen aussterben, breitet er sich in der Gruppe aus.*

Bild 32. Auslese der günstigsten Mutabilität in einer Population

anderen Genotypen (Zustand b). Schließlich wird sich der schnelle Genotyp, während er zur Spitze der Punktgruppe vorrückt, über die Population ausbreiten (Zustand c).

Lernverhalten läßt sich somit bei der Evolutionsstrategie wie folgt erreichen: Es wird das mehrgliedrige Evolutionsschema verwendet. Die Parameter für die einzelnen Objekteinstellungen sollen – wie wir es im Kapitel 9 kennengelernt haben – wieder auf einzelnen Karten notiert sein. Wir wollen die veränderlichen Größen am technischen Objekt als Objektparameter bezeichnen, und zwar im Unterschied zu den jetzt zusätzlich auf den Karten aufgeführten Strategieparametern. Die Strategieparameter sind Variable der Evolutionsstrategie: Mutationsstreuweiten, Rekombinationshäufigkeiten, Inversionshäufigkeiten und möglicherweise auch die maximale „Lebensdauer“ einer Datenkarte.*)

Ein Arbeitszyklus beginnt mit einer zufälligen Abwandlung der Strategieparameter auf einer Datenkarte. Danach erst werden Mutationen der Objektparameter erzeugt sowie die im Kapitel 9 beschriebenen Rekombinations- und Inversionsoperationen mit den Parameterspalten auf einer Karte durchgeführt. Es folgen die Prozeduren: Realisierung des Objekts, Bewertung der Objektgüte und Aussortieren der Karte mit dem niedrigsten Qualitätswert.

Das Verfahren wurde auf einem Digitalrechner (PDP-10) numerisch durchgespielt. Als Testfunktionen dienten ein 10-dimensionales Kugelmodell und ein 10-dimensionales Korridormodell ($b = 1$). Für die Mutationsstreuweiten der 10 Objektparameter wurde geschrieben:

$$\sigma_1 = s \cdot s_1, \quad \sigma_2 = s \cdot s_2, \quad \dots, \quad \sigma_{10} = s \cdot s_{10}.$$

Die 11 Strategieparameter (s, s_1 bis s_{10}) wurden mit den Wahrscheinlichkeiten w wie folgt abgeändert: Der gemeinsame Streuungsfaktor s wurde verdoppelt ($w=1/4$), nicht geändert ($w=1/2$) oder halbiert ($w=1/4$). Desgleichen wurden die einzelnen Streuungsfaktoren s_1 bis s_{10} mit dem

*) Die Untersuchung [51] deutet darauf hin, daß das Altern eines Organismus molekular-genetisch fixiert ist und somit als Evolutionsfaktor mit in Betracht kommt.

Faktor 1,2 multipliziert ($w=1/4$), nicht geändert ($w=1/2$) oder durch 1,2 dividiert ($w=1/4$). Die Ergebnisse der Untersuchung zeigt die Tabelle 6. Es gilt:

$$r = \sqrt{y_1^2 + y_2^2 + \dots + y_{10}^2} \quad (\text{Abstand vom Kugelzentrum}),$$

$$l = y_1 \quad (\text{Weg längs der Korridorachse}).$$

Die lernende Population mit 11 Gliedern ergibt bei beiden Modellfunktionen eine erhebliche Konvergenzbeschleunigung.

Tabelle 6. Vergleich der Konvergenzgeschwindigkeiten

Mutationen	KUGELMODELL Gl. (45)		KORRIDORMODELL Gl. (16)	
	ohne Lernen	mit Lernen	ohne Lernen	mit Lernen
	r	r	l	l
0	$3,162 \cdot 10^1$	$3,162 \cdot 10^{-1}$	0,000	0,000
5000	$1,257 \cdot 10^0$	$1,629 \cdot 10^{-1}$	$1,982 \cdot 10^1$	$1,072 \cdot 10^4$
10000	$1,100 \cdot 10^0$	$5,109 \cdot 10^{-3}$	$4,018 \cdot 10^1$	$3,465 \cdot 10^6$
15000	$9,154 \cdot 10^{-1}$	$3,349 \cdot 10^{-3}$	$6,391 \cdot 10^1$	$1,095 \cdot 10^{10}$
20000	$9,154 \cdot 10^{-1}$	$4,303 \cdot 10^{-5}$	$8,609 \cdot 10^1$	$9,342 \cdot 10^{12}$
25000	$9,154 \cdot 10^{-1}$	$3,648 \cdot 10^{-5}$	$1,046 \cdot 10^2$	$2,844 \cdot 10^{16}$
30000	$9,154 \cdot 10^{-1}$	$4,953 \cdot 10^{-6}$	$1,245 \cdot 10^2$	$9,629 \cdot 10^{18}$
35000	$8,715 \cdot 10^{-1}$	$4,361 \cdot 10^{-6}$	$1,436 \cdot 10^2$	$2,319 \cdot 10^{24}$
40000	$8,715 \cdot 10^{-1}$	$1,692 \cdot 10^{-6}$	$1,745 \cdot 10^2$	$5,061 \cdot 10^{28}$
45000	$8,715 \cdot 10^{-1}$	$1,370 \cdot 10^{-7}$	$2,021 \cdot 10^2$	$2,100 \cdot 10^{31}$
50000	$7,852 \cdot 10^{-1}$	$7,315 \cdot 10^{-8}$	$2,301 \cdot 10^2$	$6,072 \cdot 10^{34}$
	Anfangswerte: $y_1 = y_2 = \dots = y_{10} = 10$ $s = s_1 = \dots = s_{10} = 1$		Anfangswerte: $y_1 = y_2 = \dots = y_{10} = 0$ $s = s_1 = \dots = s_{10} = 1$	

Fassen wir die Vorteile einer sich höherentwickelnden Gruppe zusammen: Der Mimikry-Versuch (s. Kapitel 10) hat ergeben, daß bereits bei alleiniger Anwendung des Mutations-Selektions-Prinzips sich eine Gruppe

schneller höherentwickelt als ein einzelnes Glied. Die Nachahmung der genetischen Rekombination innerhalb einer Population führte zu einer weiteren Beschleunigung der Entwicklung. Die anschließende Diskussion dieser Versuche (s. Kapitel 11) ergab: Um das System der biologischen Population wirklichkeitsgetreu nachzuahmen, müßte man an mehreren technischen Objekten simultan experimentieren. Ist nur ein Experimentierobjekt vorhanden, so geht der Gewinn durch die serielle Versuchstechnik wieder verloren.

Jetzt haben wir aber gesehen, daß die sich höherentwickelnde Gruppe eine weitere Eigenschaft besitzt, die möglicherweise die bedeutendste ist. Die Gruppe ist in der Lage, zu lernen. Zwar kann die 1/5-Erfolgsregel (s. Kapitel 15) in vielen Fällen – so z. B. beim Kugelmodell – genauso wirksam sein; die lernende Population leistet jedoch mehr. Sie kann die Gesamtschrittweite auch dann noch selbsttätig optimal einstellen, wenn die 1/5-Erfolgsregel versagt; und diese Regel kann versagen, wenn die Qualitätsfunktion Unstetigkeiten in der 1. Ableitung aufweist. Ferner vermag die lernende Population auch einzelne Schrittweiten problemgerecht einzustellen, wie z. B. beim Korridormodell (s. Tabelle 6). Schließlich könnte man daran denken, weitere Strategieparameter einzuführen, so z. B. Korrelationskoeffizienten. Die Weiterentwicklung der Evolutionsstrategie zu einem mehrgliedrigen Verfahren mit Lernverhalten wird deshalb gegenwärtig als wichtigste Aufgabe angesehen.

19. Das Evolutionsfenster

Wir wollen an dieser Stelle wieder zum biologischen Objekt zurückkehren. Es ist unumstritten, daß die Evolutionslehre heute zu den bestfundierte biologischen Theorien zählt. Wichtigster Beweis, daß eine Evolution stattgefunden hat, sind die teilweise lückenlos belegten Stammesreihen der Lebewesen. Durch Altersbestimmung fossiler Reste läßt sich heute ein genauer Zeitablauf der Evolution rekonstruieren. Der Zeitbedarf für einen bestimmten Fortschritt der Evolution – z. B. für die

Entstehung des Wirbeltierauges – ist also bekannt. Steht aber dieser Zeitbedarf auch mit einer mathematischen Berechnung im Einklang? Diese Frage stellt sich aus folgendem Grund: Das Leben auf der Erde entstand vor drei bis vier Milliarden Jahren. In dieser Zeitspanne mußte die Entwicklung von einer primitiven Urzelle bis zum Menschen vonstatten gehen. Angesichts der einzigartigen Komplexität höherentwickelten Lebens erscheinen drei bis vier Milliarden Jahre Evolutionszeit jedoch sehr kurz..

C. F. von Weizsäcker schreibt zu diesem Problem [52]: „Verschiedene Autoren haben versucht, die mögliche Dauer der Entstehung gewisser Arten oder Organe (z. B. des Wirbeltierauges) durch zufällige Mutationen und anschließende Selektion abzuschätzen. Gerade beim Versuch, die einzelnen notwendigen Schritte genau anzusetzen, kamen sie vielfach zu Zeitskalen, die die auf der Erde verfügbar gewesen 5 Milliarden Jahre bei weitem überschreiten. Manche von ihnen haben daraus die Unmöglichkeit einer darwinistischen Erklärung der Evolution gefolgert.“ An anderer Stelle schreibt *von Weizsäcker*: „Ich habe darüber mit Biologen und auch mit Nichtbiologen (was nützlich ist, zum Beispiel mit guten Mathematikern) lange diskutiert und meine persönliche Konklusion ist: non liquet, ich weiß es nicht.“

In diesem Zusammenhang drängt sich zum Abschluß dieser Untersuchung die Frage auf: Könnten vielleicht die theoretischen Ergebnisse im Teil C dieser Arbeit zur Lösung des Problems beitragen? Lassen sich die dort entwickelten Formeln verwenden, um die erreichbare Geschwindigkeit der biologischen Evolution zu berechnen?

Zunächst ist klar, daß die Evolutionsgeschwindigkeit maßgeblich von der Form der Tauglichkeitsfunktion im Nukleotidraum abhängt. Für eine exakte Rechnung müßte diese Tauglichkeitsfunktion in algebraischer Form vorliegen. Bisher wissen wir aber über die Tauglichkeitsfunktion eines Lebewesens nur das eine, nämlich daß sie – wie eine technische Qualitätsfunktion – geglättet ist (siehe Kapitel 7). Nun sind das Korridor- und das Kugelmodell Funktionen dieses Typs. Könnte man dann vielleicht diese Funktionen als erste Approximation für eine reale Tauglichkeitsfunktion heranziehen?

Wir wollen – als Arbeitshypothese – diese Frage mit ja beantworten. Die Berechnung der biologischen Evolutionsgeschwindigkeit gründet sich dann auf das Vorhandensein eines sogenannten „Evolutionfensters“. Im folgenden wird dargelegt, was es mit dieser Begriffs-Neuschöpfung auf sich hat:

Wir betrachten noch einmal die Formel (29) für die Fortschrittsgeschwindigkeit beim Korridormodell

$$\varphi = \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} \left(1 - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{\sigma}{b} \right)^{n-1}, \quad (\sigma/b \ll 1).$$

Für sehr große Werte von n (diese Bedingung ist in der Biologie erfüllt) läßt sich mit $\lim_{n \rightarrow \infty} (1-1/n)^n = 1/e$ die Formel für die Fortschrittsgeschwindigkeit wie folgt schreiben:

$$(78) \quad \varphi = \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{\sigma n}{\sqrt{2\pi} b}}, \quad (\sigma/b \ll 1, n \gg 1).$$

Der Grenzübergang ist erlaubt, wenn σ/b in der Größenordnung von $1/n$ bleibt. Diese Bedingung ist im interessierenden Bereich des Fortschrittsmaximums nach (64) gerade erfüllt.

Ein Blick zur Gleichung (62), der Fortschrittsformel für das Kugelmodell, zeigt, daß beide Formeln nun ähnliche Variable besitzen. Das kommt noch klarer zum Ausdruck, wenn wir Gleichung (78) mit n/b bzw. Gleichung (62) mit n/r' multiplizieren. Ersetzen wir zusätzlich die Streuung σ durch die anschaulichere Gesamtschrittweite $s = \sigma\sqrt{n}$, so ergibt sich:

für das Korridormodell

$$(79) \quad \varphi^* = \frac{s^*}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{s^*}{\sqrt{2\pi}}} \quad \text{mit} \quad \varphi^* = \frac{\varphi n}{b}, \quad s^* = \frac{s\sqrt{n}}{b}$$

und für das Kugelmodell

$$(80) \quad \varphi^* = \frac{s^*}{\sqrt{2\pi}} \left\{ e^{-\left(\frac{s^*}{\sqrt{8}}\right)^2} - \sqrt{\pi} \frac{s^*}{\sqrt{8}} \left[1 - \Phi\left(\frac{s^*}{\sqrt{8}}\right) \right] \right\} \quad \text{mit} \quad \varphi^* = \frac{\varphi n}{r'}, \quad s^* = \frac{s\sqrt{n}}{r'}.$$

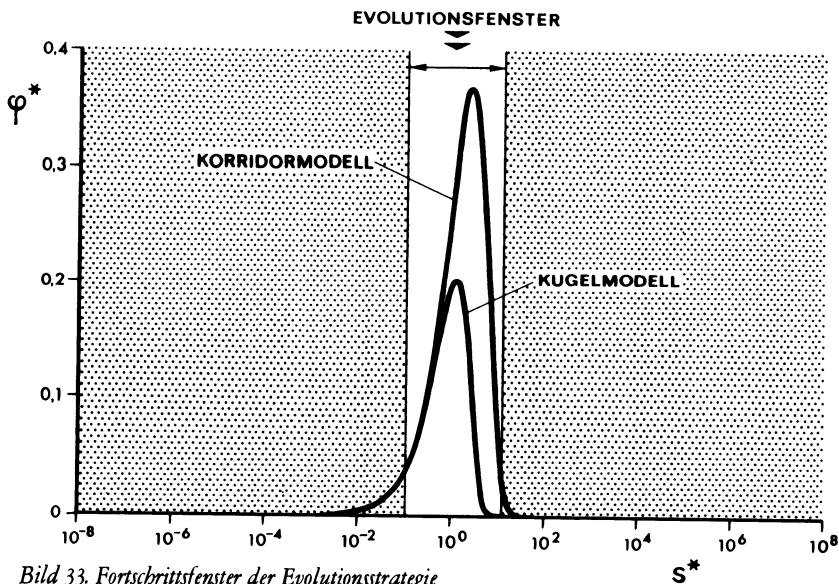


Bild 33. Fortschrittsfenster der Evolutionsstrategie

Diese „universellen Gesetze“ sind im Bild 33 dargestellt. Für den universellen Schrittweitenparameter s^* wird dabei eine logarithmische Skala benutzt. Das entspricht dem Variationsbereich dieses Parameters, der sich bei vielen Dimensionen ebenfalls über viele Zehnerpotenzen ändern kann.

Bemerkenswert an den Funktionsverläufen im Bild 33 sind die scharf ausgeprägten Maxima. Befindet man sich auf dem Gipfel einer Kurve, so wird bei einer Verkleinerung oder Vergrößerung der Schrittweite um den Faktor 10 der Fortschrittsbereich praktisch verlassen; die Fortschrittsgeschwindigkeit nähert sich beiderseits des Gipfels schnell dem Wert Null. Wir wollen das schmale Band der für die Evolution effektiven Schrittweiten als „Evolutionsfenster“ bezeichnen. Diese Namensgebung erfolgt in Analogie zum sogenannten Fenster der Atmosphäre; so bezeichnet man in der Physik denjenigen Bereich im großen Spektrum elektromagnetischer Wellen, dessen Wellenlängen praktisch ungeschwächt die Atmosphäre durchdringen.

20. Evolutionsdauer und Entwicklungshöhe

Die Existenz des Evolutionsfensters eröffnet einen bisher noch nicht gekannten Weg, die notwendige Evolutionszeit zum Erreichen des jetzigen Entwicklungsstandes höherer Lebewesen mathematisch abzuschätzen. Der Grundgedanke dabei ist, daß eine Evolution nur stattfinden kann, wenn die Schrittweite s^* innerhalb des Evolutionsfensters liegt. Im Kapitel 17 haben wir den Mechanismus kennengelernt, nach dem sich diese optimale Schrittweite im Wirkungsgefüge einer Population einstellt. Die Kenntnis von s^* (wir legen den zum Maximum der Kurve gehörenden Wert zugrunde) bildet dann die Information, die sich zur Berechnung der Evolutionszeit verwerten läßt. Noch offen ist, welches der beiden Modelle wir für die Rechnung wählen sollen. Wir entscheiden uns für das Korridormodell, da das Kugelmodell mehr eine Tauglichkeitsfunktion in der Nähe eines Anpassungsoptimums nachbildet, wir jedoch nach einem geeigneten Modell für den gesamten Evolutionsprozeß suchen.

Für das Korridormodell finden wir die Lage des Fortschrittsmaximums durch Differentiation von (79) zu

$$(81) \quad s_{\text{opt}}^* = \sqrt{2\pi} \quad \curvearrowright \quad s_{\text{opt}} = \frac{\sqrt{2\pi} b}{\sqrt{n}} .$$

Die zugehörige Fortschrittsgeschwindigkeit ergibt sich zu

$$(82) \quad \varphi_{\text{opt}}^* = \frac{1}{e} \quad \curvearrowright \quad \varphi_{\text{opt}} = \frac{b}{e n} .$$

Wir lösen (81) nach der unbekanntem Korridorbreite b auf und eliminieren auf diese Weise b in (82). Es ergibt sich

$$(83) \quad \varphi_{\text{opt}} = \frac{s_{\text{opt}}}{e \sqrt{2\pi} \sqrt{n}} .$$

Jetzt ist laut Definition

$$\varphi = \frac{\text{zurückgelegter Weg im Korridor } L}{\text{Zahl der benötigten Mutationsschritte } N}$$

Wir fragen nach der Zahl Mutationsschritte (= Zahl der Phänotypen) und erhalten mit (83)

$$(84) \quad N = \frac{e \sqrt{2\pi} \sqrt{n} L}{s_{\text{opt}}} .$$

Diese Formel erlaubt die Berechnung der Zahl der Mutationsschritte, die erforderlich ist, um in einem n -dimensionalen Evolutionskorridor die Strecke L zurückzulegen (Voraussetzung: optimale Mutationsschrittweite). Bisher kennen wir aber weder die Strecke L noch die Schrittweite s_{opt} . Beide Werte können wir uns beschaffen:

Die Mutationsschrittweite s_{opt} ergibt sich aus der in der Natur beobachteten Mutationsrate, die wir als optimal voraussetzen. Die Aminosäure-Sequenzanalyse von evolutionsgeschichtlich aufeinanderfolgenden Arten zeigt, daß bei höheren Lebewesen im Mittel pro Jahr 5 Nukleotidbasen abgeändert werden [53, 54, 55]. Was nachträglich registriert werden kann, sind selbstverständlich nur diejenigen Mutationen, die überlebt haben. Wenn wir die Gültigkeit des Korridormodells (ohne Störtauschen) voraussetzen, wissen wir, daß durchschnittlich nur jeder fünfte Mutationsschritt überlebt. Für ein zweigliedriges Wettkampfmodell müssen wir also eine Mutationsrate von 25 Nukleotidbasen pro Jahr ansetzen.

Aus der Mutationsrate pro Jahr ist nun die Mutationsschrittweite eines Individuums im Nukleotidraum zu bestimmen. Wir setzen als zeitliche Dauer einer Generation ein Jahr an ($G=1$ Jahr). Wir legen ferner die Metrik des Nukleotidraumes fest, indem die auf den Koordinatenachsen sich periodisch wiederholenden Nukleotidbasen-Markierungen die Abstände 1 voneinander erhalten. Es gibt drei mögliche Basensubstitutionen: zwei davon ergeben eine Schrittkomponente der Länge 1, die dritte liefert

eine Schrittkomponente der Länge 2 (Minimalabstände genommen). Man erhält für die Gesamtschrittweite eines Individuums im Nukleotidraum

$$(85) \quad s = \sqrt{\frac{25}{3} (1^2 + 1^2 + 2^2)} = \sqrt{50} .$$

Bevor wir jetzt darangehen, die seit Beginn der Evolution im Nukleotidraum zurückgelegte Strecke L abzuschätzen, müssen wir uns die Frage vorlegen, ob man das Modell des Nukleotidraumes überhaupt für so lange Evolutionszeiträume anwenden darf. Da sich mit der Höherentwicklung der Lebewesen die Zahl der Nukleotidbasen im DNS-Molekül laufend vergrößert, dehnt sich der Nukleotidraum ständig in neue Dimensionen aus. Die Theorie des Korridormodells setzt jedoch einen Variablenraum konstanter Dimensionen voraus. Nun können wir uns aber einen Nukleotidraum mit unveränderlicher Zahl von Dimensionen künstlich schaffen, indem wir virtuelle Nukleotidstellen – das sind Stellen, die in einem frühen Evolutionsstadium noch nicht besetzt sind – durch zufällige Basensequenzen ausfüllen. Das ist ein Modell, das die Wirklichkeit vielleicht gar nicht schlecht approximiert. Denn es ist nicht zu erwarten, daß die Evolution sehr verschieden abläuft, wenn im 1. Fall alle n Nukleotidbasen*) in zufälliger Reihenfolge bereits zu Beginn der Evolution eingeführt werden, oder wenn im 2. Fall die DNS-Kette in derselben Zufallsfolge allmählich mit n Nukleotidbasen aufgefüllt wird. Die für die vorliegende Rechnung zugrundegelegte Mutationsrate von 25 Nukleotidbasen pro Jahr ist so klein (gegenüber n), daß von den am Anfang vorgegebenen n Basen viele erst sehr spät mutieren und damit in die Evolution einbezogen werden.

Diese Überlegung zeigt, daß es ein durchaus plausibles Gedankenmodell ist, zu Beginn der Evolution eine zufällige Sequenz von bereits n Nukleotidbasen vorzugeben. Nachdem damit ein Anfangspunkt im Nukleotidraum festgelegt ist, müssen wir uns nun mit dem hypothetischen Endpunkt der Evolution befassen. Es scheint hier die Annahme

*) Zum Beispiel $n = 3 \cdot 10^9$ (ungefähre Zahl der Nukleotidbasen im haploiden Chromosomensatz des Menschen).

sinnvoll, daß der Endpunkt der Evolution mit dem zufälligen Anfangspunkt in keiner Beziehung steht. Das bedeutet: 25% der Nukleotidbasen stimmen nur noch mit den zufälligen Anfangswerten überein, der Rest ist abgeändert worden. Diese Basenänderungen werden im Nukleotidraum als Strecken abgebildet. Unter Beachtung der speziellen Metrik des Nukleotidraumes wird in den Achsenrichtungen $n/4$ mal die Strecke der Länge 0, $n/2$ mal die Strecke der Länge 1 und $n/4$ mal die Strecke der Länge 2 zurückgelegt. Daraus errechnet sich die Gesamtstrecke zu

$$(86) \quad L = \sqrt{\frac{n}{4} (0^2 + 1^2 + 1^2 + 2^2)} = \sqrt{\frac{3}{2} n} .$$

Jetzt setzen wir (85) und (86) in (84) ein und erhalten mit $n = 3 \cdot 10^9$ Nukleotidbasen für die Evolutionszeit

$$(87) \quad T = N \cdot G = \frac{3 \cdot 10^9 \sqrt{3/2} e \sqrt{2\pi}}{\sqrt{50}} \cdot 1 = 3,5 \cdot 10^9 \text{ Jahre}$$

Nach den Theorien der Astrophysik hat sich die Erde vor etwa 4,5 Milliarden Jahren gebildet. Fossile Funde sprechen dafür, daß primitive einzellige Organismen bereits vor 3,2 Milliarden Jahren auf der Erde existiert haben. Der berechnete Wert von 3,5 Milliarden Jahren ordnet sich also überraschend gut in diese Zeitskala ein. Doch sollte man dieser Tatsache keine zu hohe Bedeutung beimessen. Wichtig ist, daß die Größenordnung stimmt und sich nicht etwa 100 Milliarden Jahre ergeben. Denn mehr als eine Abschätzung kann diese Rechnung nicht sein. Dafür stellt der Ansatz (Korridormodell mit zweigliedriger Wettkampfsituation) eine zu starke Abstraktion dar. Gibt es doch in diesem Modell keine Mutationsmischung durch genetische Rekombination, keine Artaufspaltung durch Isolation, keine DNS-Vermehrung durch Genverdoppelung, keine genetische Drift usw. Verfolgt man aber das gerechnete mathematische Modell weiter, so sollte es früher oder später auch gelingen, die Fortschrittsgeschwindigkeit unter Berücksichtigung derartiger höherer Evolutionsfaktoren zu berechnen. Vielleicht ließe sich auch eine für Lebewesen besser

zutreffende Tauglichkeitsfunktion im Aminosäuren-Raum*) definieren. Der Weg, um daraus wieder die Evolutionsdauer zu bestimmen, ist durch die obige Rechnung vorgezeichnet.

So können wir, am Ende dieser Untersuchung angelangt, das Kennen-gelernte auf die Kurzformel bringen: Die biologische Evolution läßt sich als Optimierungsstrategie verstehen und als solche mathematisch exakt formulieren. Diese Strategie stellt einerseits eine ausgezeichnete Methode dar, um technische Systeme zu optimieren. Diese Strategie ist – als mathematisches Formelsystem – andererseits auch als Ansatz geeignet, um evolutionsbiologische Fragestellungen, wie z. B. die Frage nach der Evolutionsdauer, quantitativ zu beantworten.

21. Nachtrag

Während der Drucklegung dieser Schrift wurde an verschiedenen Instituten der Technischen Universität Berlin die Evolutionsstrategie verwendet, um mit ihr in laufenden Forschungsvorhaben Optimierungsprobleme zu lösen. Hier handelt es sich um Anwendungen, die der Verfasser mit Freude verfolgt. Denn nach fast 9jähriger Entwicklungsarbeit an der Evolutionsstrategie ist die Tatsache, daß mit dieser Methode auch an anderer Stelle mit Erfolg experimentiert wird, schönster Lohn für die vorangegangenen Anstrengungen. Problemstellung, Lösungsweg und Ergebnis dieser drei neu durchgeführten Versuche sollen nachfolgend kurz beschrieben werden.

*) Der Aminosäuren-Raum stellt eine bessere Analogie zum technischen Parameterraum dar als der Nukleotidraum. Der Aminosäuren-Raum wird aufgebaut, indem man auf den Achsen eines vieldimensionalen Raumes in gleichbleibenden Abständen die 20 Aminosäuren aneinanderreihet, und zwar geordnet nach ihrer chemischen Ähnlichkeit und ihren Wortübergängen im genetischen Code.

Am Institut für Thermodynamik der TU Berlin ist eine studentische Arbeitsgruppe (Betreuer: *W. Körner*) an die Aufgabe herangegangen, mit Hilfe der Evolutionsstrategie die optimale Form einer querangeströmten Kühlrippe zu finden [56]. Es läßt sich nämlich experimentell und rechnerisch zeigen, daß quer zur Strömungsrichtung angeordnete Rippen unter vergleichbaren Bedingungen höhere Wärmeübergangskoeffizienten aufweisen als längsangeströmte Rippen. Zwischen den Querrippen bilden sich Wirbel aus, die den Wärmeübergang begünstigen. Das läßt vermuten, daß – bei gleichbleibendem Strömungswiderstand – der Rippenwirkungsgrad noch gesteigert werden kann, wenn man anstelle der üblichen Rippenform eine gewölbte Rippe verwendet.

Das Bild 34a zeigt die für dieses Optimierungsexperiment verwendete Versuchsanordnung: In einem wasserdurchströmten rechteckigen Kanal befinden sich hintereinander drei Kühlrippen. Die mittlere Rippe wird mit konstanter Leistung elektrisch beheizt. Bei jedem Versuch wird die Zuflußgeschwindigkeit des Wassers so einreguliert, daß das Produkt aus Mengenstrom \dot{Q} und Druckverlust Δp einen konstanten Wert annimmt. Dann ist die am Fuß der mittleren Rippe gemessene Temperatur ein Maß

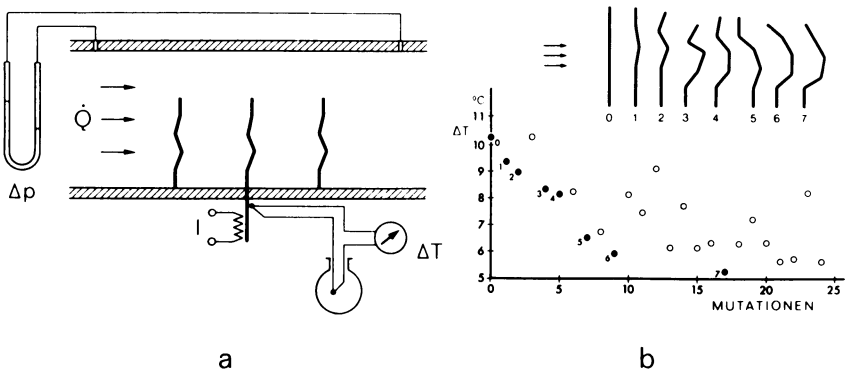


Bild 34. Evolutionsstrategische Optimierung querangeströmter Kühlrippen [56]

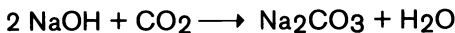
a) Schema der Versuchseinrichtung

b) Zeitlicher Ablauf des Optimierungsexperiments

für die Güte der Rippenform. Genauer gesagt: Je besser die Wärme an das vorbeiströmende Wasser übertragen wird, um so niedriger wird die Differenz zwischen der Temperatur am Rippenfuß und der Eintrittstemperatur des Wassers. Verschiedene Rippenformen wurden durch mehrmaliges Abwinkeln der Kühlfläche erzeugt. Winkel als Formparameter haben wir bereits bei der Widerstands-Gelenkplatte kennengelernt. Nur besitzt die Rippe keine gelenkigen Lager, sondern die Winkel φ_1 bis φ_5 werden durch Biegen des 1 mm starken Rippenblechs in einer Biegelehre erzeugt.

Das Bild 34b zeigt den zeitlichen Ablauf des Optimierungsexperiments. Aus der Anfangsform der ebenen Rippe entwickelt sich eine löffelähnliche Form. Sie besitzt - verglichen mit der ebenen Fläche - einen um 97% höheren Wärmeübergangskoeffizienten. Aus Zeitgründen mußte die Optimierung nach der 24. Mutation abgebrochen werden. Die Versuche sollen jedoch weitergeführt werden.

Am Institut für Chemieingenieurtechnik der TU Berlin wurde nach einem Vorschlag von *H. Brauer* die Evolutionsstrategie angewendet, um eine für den Stoffaustausch optimale Zweiphasendüse zu entwickeln [57]. Diese Düse bildet das Herzstück eines Gas-Flüssig-Reaktors. Das Bild 35a zeigt das Schema dieses Reaktors. Natronlauge (NaOH) tritt als flüssiger Reaktionspartner in eine Strahldüse ein. Durch Bohrungen im Bereich des engsten Düsenquerschnitts wird der gasförmige Reaktionspartner, ein Kohlendioxid-Luft-Gemisch, der Flüssigkeit beigemischt. Es läuft die chemische Reaktion



ab. Die Reaktionsausbeute hängt von der Intensität und Gleichmäßigkeit der turbulenten Mischungsbewegung im Reaktionsraum ab. Sicher hat die Form der Düse einen Einfluß auf die turbulente Strömungsbewegung. So ist zu vermuten, daß geeignet geformte Kammern im divergenten Düsenteil die Durchmischung der beiden Phasen begünstigen.

Die Reaktionsausbeute einer Düsenform lässt sich wie folgt messen: Dem Flüssigkeitsstrom wird in gleichbleibenden Zeitintervallen eine Probe entnommen. Aus der Lösung wird das während der Reaktion gebildete Natriumcarbonat (Na_2CO_3) durch Zusetzen von Bariumchlorid ausgefällt und die Menge von Natriumhydroxid durch Neutralisation mit verdünnter Salzsäure bestimmt. Offensichtlich gilt: Je niedriger die NaOH -Konzentration ist, um so besser ist die chemische Reaktion und damit die Düsenform.

Die Düse setzt sich aus 10 Segmenten zusammen. Durch Auswechseln einzelner Segmente (es standen insgesamt 100 Stück zur Verfügung) lässt sich die Form der Düse verändern. Diese Art der Formvariabilität haben wir bereits bei dem Experiment mit der Zweiphasen-Überschalldüse kennengelernt. Das Bild 35b zeigt die Versuchsergebnisse. Ausgehend von zwei verschiedenen Anfangsformen A und B führt das Evolutions-Experiment über die dargestellten Zwischenformen zur selben Lösung. Beachtlich ist die Steigerung der Reaktionsausbeute. Nach einer Stunde beträgt der Stoffumsatz bei der konischen Düse 11,5%. Bei der gefundenen Optimaldüse erhöht sich dieser Umsatz auf 21%.

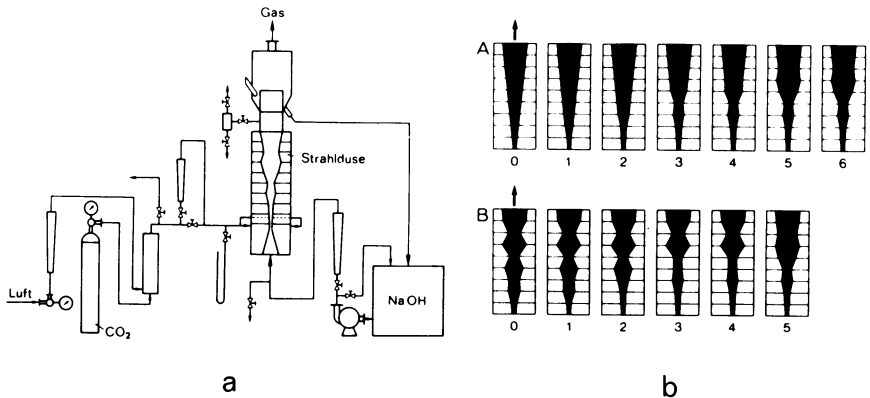


Bild 35. Evolutionsstrategische Optimierung eines Strahldüsenreaktors [57]

a) Schema der Versuchsanlage

b) Formentwicklung der Düse für 2 Experimente

Kennzeichnend für die vorangegangenen Optimierungsversuche ist, daß stets an einem materiellen Objekt experimentiert wurde. Doch läßt sich die Evolutionsstrategie genau so gut als Programm auf einem Elektronenrechner verwenden.

Ein Beispiel für die Anwendung eines evolutionsstrategischen Programms ist der Entwurf eines gewichtsminimalen Stabtragwerks. Diese Untersuchung wird von A. Höfler, U. Leyßner und J. Wiedemann am Institut für Luft- und Raumfahrttechnik der TU Berlin durchgeführt [58]. Das Bild 36a veranschaulicht die Aufgabenstellung: Es soll ein Stabwerk mit 6 Knotenpunkten konstruiert werden. Wo müssen diese 6 Knoten liegen, damit das Stabwerk minimales Gewicht aufweist? - Die Kräfte in den Stabverbindungslineien lassen sich durch Lösung des statischen Gleichungssystems auf einem Rechner schnell bestimmen. Der verwendete Werkstoff ergibt dann die Stabquerschnitte und damit das Gewicht der Konstruktion. Die Variablen des Stabwerks sind die (x, y) -Koordinaten der Knotenpunkte. Sie werden durch einen rechnerinternen Zufallsgenerator abgeändert. Das Bild 36b zeigt das Ergebnis einer solchen Stabwerk-Optimierung auf einem Rechner, einer CDC 6400. Das Stabwerk wird durch

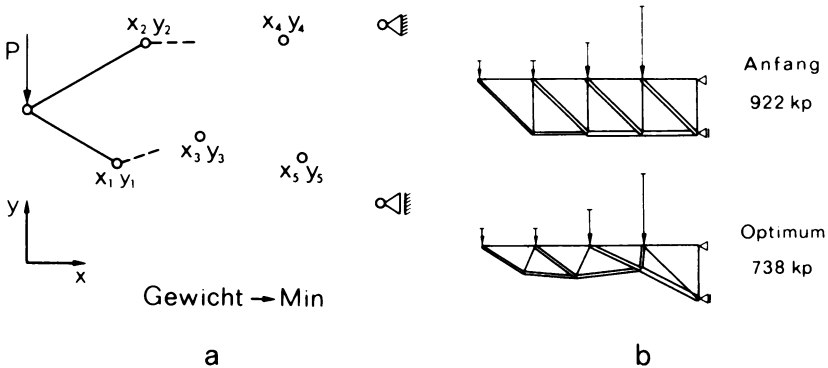


Bild 36. Evolutionsstrategische Optimierung eines Stabtragwerks [58]
 a) Allgemeines Problem: Koordinaten der Knotenpunkte als Variable
 b) Anfangsform und Optimalform des Stabwerks

4 Einzellasten beansprucht. Die gewählte Anfangskonstruktion besitzt ein Gewicht von 922 kp. Die Optimallösung, die sich nach 20 Sekunden Rechenzeit ergibt, wiegt nur noch 738 kp.

Nachwort von Manfred Eigen

Der Titel des vorliegenden Buches „Evolutionstrategie“ mag dem unvoreingenommenen Leser zunächst als eine „*contradictio in adjecto*“ erscheinen. *Evolution* ist ein Selbstorganisationsprozeß, eine aus sich selbst hervorgehende Entwicklung. Nach Darwin ist sie in der Natur durch das Überleben des am besten Angepaßten, durch das „*survival of the fittest*“ gekennzeichnet. *Strategie* setzt dagegen Planung voraus, also gerade das, was Darwins Widersacher als Haupteinwand gegen seine Theorie ins Feld führten. Die Höherentwicklung, wie sie im Evolutionsprozeß in Erscheinung tritt, müßte nach Ihrer Ansicht unbedingt unter dem Diktat einer auf den Zweck ausgerichteten *Planung* stehen.

Die mathematische Durchdringung der Evolutionstheorie hat diese scheinbare Widersprüchlichkeit zerrinnen lassen. In dem Augenblick, da man erkannte, daß der natürlichen Selektion eine physikalisch begründbare Wertsteuerung zugrunde liegt, war es offenbar, daß es auch eine systeminhärente Strategie der Optimierung geben muß. Wir fragen uns heute sogar, ob eine solche durch systeminhärente Optimierungskriterien gesteuerte Selektion nicht das grundlegende Prinzip *jedes* adaptiven Lern- oder Denkprozesses ist.

Was liegt näher, als diese Vorstellungen auch zur Entwicklung neuer technischer Verfahren heranzuziehen? Ein Prinzip, das in der Natur schließlich den Menschen hervorgebracht hat, sollte aufgrund seiner unbegrenzten Fähigkeit zur Adaptation und Optimierung auch in der Technik jederbegrenzten Schöpfungs- oder Konstruktionsidee überlegen sein.

Natürlich bleibt noch manches der Natur abzuschauen. Umgekehrt wird sich unsere Einsicht in die natürlichen Vorgänge durch die Entwicklung ana-

loger technischer Verfahren sehr vertiefen lassen. Beide Aspekte kommen in der Monographie in eindrucksvollen Beispielen zum Ausdruck.

Zugegeben, zunächst ist es eine Idee, eine im Prinzip aus der Biologie bekannte, die hier vorgestellt wird. Doch wir lernen, welches Potential sich in ihr verbirgt. Sie wird unsere Maschinen „intelligent“ machen. Sie wird auch neue Probleme aufwerfen, mit denen wir uns auseinandersetzen müssen: Wird der Mensch in einer unbegrenzten technischen Evolution das Steuer in der Hand behalten können? Oder wird er einmal zur mehr oder weniger bedeutungslosen Zelle eines gigantischen sich selbst fortpflanzenden und ständig optimierenden Automaten absinken?

Ich wünsche dem Buch weite Verbreitung. Es möge zu neuen Anregungen und nützlichen Anwendungen, aber auch zu einer geistigen Auseinandersetzung mit den angeschnittenen Problemen einer – sich selbst optimierenden – Automatisierung führen.

Göttingen, Juli 1973

Manfred Eigen

Schrifttum

Einleitung

- [1] *Hertel, H.*: Struktur – Form – Bewegung. Mainz: Krausskopf 1963.
- [2] *Gérardin, L.*: Natur als Vorbild. München: Kindler 1968.
- [3] *Beier, W., Glaß, K.*: Bionik – eine Wissenschaft der Zukunft. Leipzig: Urania-Verlag 1968.
- [4] *Nachtigall, W.*: Biotechnik. Heidelberg: Quelle & Meyer 1971.
- [5] *Heynert, H.*: Einführung in die allgemeine Bionik. Berlin: VEB Deutscher Verlag der Wissenschaften 1972.

Teil A:

- [6] *Heberer, G., (Hrsg.)*: Die Evolution der Organismen. Stuttgart: 3. Aufl. Fischer 1967–1969.
- [7] *Mayr, E.*: Artbegriff und Evolution. Hamburg: Parey 1967.
- [8] *Savage, J. M.*: Evolution. München: Bayerischer Landwirtschaftsverlag 1968.
- [9] *Stebbins, G. L.*: Evolutionsprozesse. Stuttgart: Fischer 1968.
- [10] *Schwefel, H. P.*: Experimentelle Optimierung einer Zweiphasendüse. Bericht 35 des AEG-Forschungsinstituts Berlin zum Projekt MHD-Staustrahlrohr (1968).
- [11] *Klockgether, J., Schwefel, H. P.*: Two-phase nozzle and hollow-core jet experiments. Proc. 11. Symp. on Eng. Aspects of MHD, Cal. Inst. Techn., 1970, 141–148.
- [12] *Radebold, R.*: Analyse eines unmittelbaren Umwandlungsprozesses mit einem flüssigen Metall als Arbeitsmedium. Fortschr. Ber. VDI-Zeitschr. Reihe 6, Nr. 12 (1967).
- [13] *Drenick, R. F.*: Die Optimierung linearer Regelsysteme. München: Oldenbourg 1967.

- [14] *Schink, H.*: Projektierung von Regelanlagen. Düsseldorf: VDI-Verlag 1970.
- [15] *Bienert, P.*: Aufbau einer Optimierungsautomatik für drei Parameter. Diplomarbeit, TU Berlin 1967.
- [16] *Rechenberg, I.*: Vorschlag für einen automatischen Experimentator. *Humanismus und Technik* 16 (1972), 138-147.

Teil B:

- [17] *Wieland, T., Pfeleiderer, G., (Hrsg.)*: *Molekularbiologie*. Frankfurt a. M.: Umschau-Verlag 1969.
- [18] *Watson, J. D.*: *The Molecular Biology of the Gene*. New York: Benjamin 1970.
- [19] *Lewin, B. M.*: *The Molecular Basis of Gene Expression*. London: Wiley 1969.
- [20] *Dénényi, T., Elödi, P., Keleti, G., Szabolsci, G.*: *Strukturelle Grundlagen der biologischen Funktion der Proteine*. Budapest: Akadémiai Kiadó 1969.
- [21] *Karlson, P.*: *Biochemie*. Stuttgart: 7. Aufl. Thieme 1970.
- [22] *Dickerson, R. E., Geis, I.*: *Struktur und Funktion der Proteine*. Weinheim/Bergstraße: Chemie 1971.
- [23] *Obno, S.*: *Evolution by Gene Duplication*. Berlin: Springer 1970.
- [24] *Sneath, P. H. A.*: Relations between Chemical Structure and Biological Activity in Peptides. *J. Theoret. Biol.* 12 (1966), 157-195.
- [25] *Epstein, C. J.*: Non-randomness of Amino-acid Changes in the Evolution of Homologous Proteins. *Nature* 215 (1967), 355-359.
- [26] *Finkelstein, A. V., Ptitsyn, O. B.*: Statistical Analysis of the Correlation among Amino Acid Residues in Helical, β -Structural and Non-regular Regions of Globular Proteins. *J. Mol. Biol.* 62 (1971), 613-624.
- [27] *Woese, C. R.*: *The Genetic Code*. New York: Harper & Row 1967.
- [28] *Crick, F. H. C.*: The Origon of the Genetic Code. *J. Mol. Biol.* 38 (1968), 367-379.

- [29] *Jordan, P.*: Schöpfung und Geheimnis. Oldenburg: Stalling 1970.
- [30] *Koestler, A.*: Das Gespenst in der Maschine. Wien: Molden 1968.
- [31] *Eigen, M.*: Selforganization of Matter and the Evolution of Biological Macromolecules. *Naturwissensch.* 58 (1971), 465-523.
- [32] *Wilde, D. J.*: Optimum Seeking Methods. Englewood Cliffs, N. J.: Prentice-Hall 1964.
- [33] *Künzi, H. P., Tzschbach, H. G., Zehnder, C. A.*: Numerische Methoden der mathematischen Optimierung. Stuttgart: Teubner 1967.
- [34] *Wilde, D. J., Beightler, C. S.*: Foundations of Optimization. Englewood Cliffs, N. J.: Prentice-Hall 1967.
- [35] *Abadie, J.*, (ed.): Integer and Nonlinear Programming. Amsterdam: North-Holland 1970.
- [36] *Hoffmann, U., Hofmann, H.*: Einführung in die Optimierung. Weinheim/Bergstraße: Chemie 1971.
- [37] *Fox, R. L.*: Optimization Methods for Engineering Design. Reading, Mass.: Addison-Wesley 1971.
- [38] *Stahl, F. W.*: Mechanismen der Vererbung. Stuttgart: Fischer 1969.
- [39] *Günther, E.*: Grundriß der Genetik. Stuttgart: 2. Aufl. Fischer 1971.
- [40] *Swanson, C. P., Merz, T., Young, W. J.*: Zytogenetik. Stuttgart: Fischer 1970.
- [41] *Bresch, C., Hausmann, R.*: Klassische und molekulare Genetik. Berlin: 2. erw. Aufl. Springer 1970.
- [42] *Berger, E. R.*: Nachrichtentheorie und Codierung. In: Taschenbuch der Nachrichtenverarbeitung (Hrsg. *K. Steinbuch*). Berlin: Springer 1967.
- [43] *Wickler, W.*: Mimikry. München: Kindler 1968.
- [44] *Slotnick, D. L.*: The Fastest Computer. *Sci. American* 224 (1971), 76-88.

Teil C

- [45] *Ostrowski, A.*: Vorlesungen über Differential- und Integralrechnung, Band I-III. Basel: 2. Aufl. Birkhäuser 1961-1967.
- [46] *Fichtenholz, G. M.*: Differential- und Integralrechnung, Band I-III. Berlin: VEB Verl. d. Wiss. 1964.

- [47] *Abramowitz, M., Stegun, I. A.:* Handbook of Mathematical Functions. New York: Dover 1964.
- [48] *Jahnke, Emde, Lösch:* Tafeln höherer Funktionen. Stuttgart: Teubner 1966.
- [49] *Rastrigin, L.A.:* The Convergence of Random Search Method in Extremal Control of Many-Parameter-System. Automation and Remote Control 24 (1963), 1337-1342.

Schluß

- [50] *Müller, A. J.:* Mutationen als erbliche DNS-Veränderungen. In: Desoxyribonukleinsäure, Schlüssel des Lebens (Hrsg. E. Geissler). Berlin: Akademie-Verlag 1970.
- [51] *Robinson, A. B., McKerrow, J. H., Cary, P.:* Controlled Deamidation of Peptides and Proteins: An Experimental Hazard and a Possible Biological Timer. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 66 (1970), 753-757.
- [52] *Weizsäcker, C. F. von:* Die Einheit der Natur. München: Carl Hanser 1971.
- [53] *Kobne, D. E.:* Evolution of higher-organism DNA. Quart. Rev. Biophys. 3 (1970), 327-375.
- [54] *Ohta, T., Kimura, M.:* Funktional Organization of Genetic Material as a Product of Molecular Evolution. Nature 233 (1971), 118-119.
- [55] *Kimura, M., Ohta, T.:* On the Rate of Molecular Evolution. J. Molec. Evolution 1 (1971), 1-17.
- [56] *Körner, W., Gommert, L., Jurgasch, H., Kesou, A., Lallas, J., Niemeier, H.:* Optimierung der Geometrie quer angeströmter Rohrrippen hinsichtlich des Wärmeübergangs. Verfahrenstechnik 7 (1973), 109-113.
- [57] *Mitra, A. K., Brauer, H.:* Optimisation of a two phase co-current flow nozzle for mass transfer. Verfahrenstechnik 7 (1973), 92-97.
- [58] *Höfler, A., Leyßner, U., Wiedemann, J.:* Diskussionsbeitrag, vorgetragen auf dem Second Symposium on Structural Optimization der AGARD in Mailand am 3. 4. 1973.

Register

A

Absolutwert der Regelabweichung 38
Adenin 49
Altern des Organismus 135
Aminosäure 50, 54 ff
Aminosäuren-Raum 145
Aminosäure-Seitenketten 55
Aminosäure-Übergänge 57
Anpassungsoptimum 71, 141
Arbeitsschritt 67, 124
Artaufspaltung 144
Atomgruppen, ionisierte 55
Aufenthaltshäufigkeit 108, 110
Aufhaltungspunkt 92, 108 f, 113
Aufenthaltswahrscheinlichkeitsdichte 109
Auftrieb, aerodynamischer 21
Auslese, natürliche 13, 19, 22
Automat 38 f
automatische Regleroptimierung 38 f

B

Basenarten 51, 73
Basensequenz, zufällige 143
Besselfunktion 117, 119
Bienert, P. 38
Binärfolge 83, 86

Bindungsgruppe, gleiche 55
Binomialverteilung 40
Bionik 13, 16, 40
Boten-RNS 50
Brauer, H. 147

C

Chromosomen 20, 49, 72 ff, 82
Chromosomen-Inversion 45
Chromosomenmutation 70f, 74, 77, 80, 91
Chromosomenneuordnung 70
Chromosomensatz, einfacher 51
Coderraum 84
Code, Struktur 57
Code-Tabelle 58
Codewort-Änderung 58
Codewort, ähnliche 56
Crossing-over 15, 40, 75 f, 80, 91
Cytosin 49

D

Dauerfestigkeit 88
Debyesche Reihe 119
Deletion 72
Delphinhaut 13

Desoxyribonukleinsäure 49
determinierte Strategie 127
Diatomeen-Schalen 13
Digitalrechner 88, 135, 149
diploide Vererbung 91
DNS-Molekül 61 f, 143
DNS-Strang 50 f
DNS-Vermehrung 144
dominante und rezessive Vererbung 82
Doppelwürfel 73
Drossel-Speicher-Einheit 37
Duplikation 72
Düse, konvergent-divergente 34
Düsenbestform 36

E

Eigen, M. 63
Eingrenzungsformel 118
Einstellregeln, *Ziegler-Nichols* 37
Energieumwandlung 13
Enzymwirkung 50
Erbanlagen 14, 20
Erbgang, diploider 82 f
–, haploider 82
Erfolgsgebiet 94 f, 98 f, 101, 103
Erfolgshäufigkeit der Mutationen 111
Erfolgskanäle 71
Erfolgs-Mißerfolgs-Grenzen 101
1/5-Erfolgsregel 137
Erfolgsrichtung, optimale 67 f
Erfolgswahrscheinlichkeit 94 ff, 111,
114, 120, 122
–, optimale 103, 123 f
Evolution 13 ff
–, der Evolution 87

–, höhere Nachahmungsstufe 78, 81
–, künstliche 19
–, vereinfachte Nachahmung 79
evolutionsfähiges System 57
Evolutionenfähigkeit 62
Evolutionenfaktor 16, 19, 61
Evolutionenfenster 139 ff
Evolutionengeschwindigkeit 15, 139
Evolutionenkorridor 142
Evolutionsschema,
–, mehrgliedriges 86, 88, 135
–, zweigliedriges 86
Evolutionstrategie 36, 38ff, 48, 78, 91, 145
Evolutionsweg 53
Evolutionzeit 141
extrapolierende Gradientenstrategie 67

F

Faltungskräfte, molekulare 55
Fehlgesetz 113
Formgebungsgewinn 33
Formparameter 147
Fortpflanzung 14 f
Fortpflanzungsbarrieren 71
Fortschrittserwartung 106 ff, 113, 116
Fortschrittsfenster 140
Fortschrittsformel 124, 139
Fortschrittsgeschwindigkeit 101, 108 ff,
120 ff, 139, 141, 144
–, maximale 132
Fortschrittsgewinn eines
Zufallsschritts 127
Fortschrittmaximum 139, 141
Fortschrittsverlust 127
Freiheitsgrad, genotypischer 51

G

Galtonsches Nagelbrett 26
Gammafunktion 97
Gas-Flüssig-Reaktor 147
Gaußsche Glockenkurve 93,95
Gaußsches Fehlerintegral 108
Gauß-Seidel-Strategie 65, 67
Gelenkplatte 25 ff, 57 f, 78, 80
Gelenkwellen 38
Gen 20, 50 f, 71 ff, 83
Gen-Deletion 36
Gen-Duplikation 36
Gene, homologe 82
Generation 14, 86 ff
genetische Drift 144
genetischer Code 49, 55 ff, 99
genetische Voraussicht 77
Genmutation 21, 70 f, 80
Genommutation 70
Genotyp 20, 71, 73, 133, 135
Gen-Schaltstellungen 20 f
Genumlagerung 73 f
Genverdoppelung 144
Geschwindigkeit, biologische
Evolution 138
Gitterpunkte 51 f
Glattheit, Qualitätsdichteverteilung 48
Glattheitspostulat 63
Gradientenbahn 66 f
Gradientenstrategie 66 f, 123 ff
Gruppenexperiment 87
Gruppe, sich höherentwickelnde 136 f
Guanin 49
Gummikammern 24

H

Hamming-Distanz 84
Häufigkeitsverteilung, biomiale 21
Hauptmaximum 99
H-Brücken 55
Höfler, A. 149
Hügellandschaft 47
Hyperkugeln 93, 115

I

Impuls, spezifischer 36
Informationsverarbeitung, serielle 88
inselförmige Gebiete 77
Integration der Regelfläche 39
interchromosomale Rekombination 75f
intermediäre Vererbung 82
intrachromosomale Rekombination 75,77
Inversion 72
Inversionshäufigkeiten 135
Ist-Folge 84
Isolation 70, 144
Isolationsmechanismen 71

K

Kartenspiel 78
Kartenstapel 80
Kleinkraftwerk 33
Klothoide 32
Kombination, segmentweise 24
Konvergenzbeschleunigung 136
Konvergenzgeschwindigkeit 59, 100
– eines Codes 58
Konvergenzverhalten, lokales 103

Koordinatentabelle 21
Körner, W. 146
Korrelationskoeffizienten 137
Korridormodell 103ff, 120ff, 132, 136ff
–, 10-dimensionales 135
–, mit Störuschen 121 f
Kreuzbalgregler 37
Kriterium, hinreichendes 98
–, notwendiges 98
kritischer Punkt 98
Krümmer 30 ff
Krümmungssprung 32
Krümmungsumkehr 32
Kugelkoordinaten, 96, 116, 125
Kugelmodell 103f, 115, 120ff, 132, 136ff
–, 10-dimensionales 135
–, mit Störuschen 123
Kühlrippe 146

L

Langzeitexperiment 13
Lavaldüse 36
Lebensdauer, Datenkarte 135
Lebensleistung 20, 40
lernende Population 88, 136 f
Lernprozeß 132
Lernverhalten, Evolutionsstrategie 135
Leyßner, U. 149

M

Mäandercode 59 f
Magnetfelder, räumlich veränderbare 24
magnetohydrodynamisches Prinzip 33
Maßskala 48 f

Maximum, absolutes 92
–, lokales 99
Membran, biologische 13, 50
Meßwert, fehlerhafter 112
Metrik des Nukleotidraumes 142, 144
Mimikry 86, 136
Mimikry-Experiment 88
Minimierung, schnellste 59
Minimum, lokales 29
Mittelwertsatz der Integralrechnung 97
Modelle für Qualitätsfunktionen 102
Modellfunktion 62, 101, 103 f
Modellgen 73
Molekül-Dipole 55
Mustererkennung 14
Mutabilität, genetische Kontrolle 15
–, günstigste 133 f
–, spontane 133
Mutation, positive 14
Mutationskriterium 93
Mutationsmechanismus, erweiterter 36
Mutationsmischung 144
Mutationspunkt 92
Mutationsrate 142 f
Mutationsschritte, kleine 40
Mutationsschritt, großer 29
Mutations-Selektions-Algorithmus, 92, 94
Mutations-Selektions-Spiel am Code 60
Mutations-Selektions-Verfahren 91, 94 f, 98 ff
Mutationsstreuweite 135
–, optimale 103

N

Nachlaufdele 27
Nachrichtenraum, binärer 73

Nachstellzeit 37
Nagelpyramide 26 f
Natriumcarbonat 148
Naturkopien 15
Nebenbedingungen 82
Nebenmaxima 91
Nukleotidbasen 49 ff, 61 f, 71, 142 ff
Nukleotidbasen-Markierungen 51, 142
Nukleotidbasen-Triplett 55
Nukleotidraum 52 ff, 61 f, 70 ff,
133, 138, 143
Nukleotidstellen, virtuelle 143

O

Objektparameter 135
Objektqualität 46
Objektvarianten 23
Optimaldüse 148
optimaler Code 58
Optimalkrümmen 32
Optimierungsaufwand 87
Optimum, flaches 28
–, rechnerisches 64
–, relatives 65, 67
–, tatsächliches 64

P

Parallelarbeit 88
Parallelentwicklung 70
Parametereinstellung 46 f, 78
Parameter, maßgebende 24
Parametersraum 47ff, 52f, 64ff, 100ff, 133
Parameterskala 46 f
Parameterspalte 80

Phänotyp 20 f, 142
Phylogenie 61
PID-Regler 37, 39
Pitotrohr 30
Pitotrohr-Rechen 27 f
Poisson-Formel 76
Polynukleotidstränge 49
Polypeptidkette 50, 54
Population 14, 21f, 70, 74, 80, 86f, 133ff
Positionseffekt 73
Profildatenkarte 21f
Profilkoordinaten 21
Profilsammlung 20f
Programm, evolutionsstrategisches 149
Proteine 50
Proteinmolekül, Eigenschaften 54
Prüfschritte 67, 124
Punktfolge, konvergente 64
Punktmuster, konvergierendes 54
Punktmutation 71
Punktwolke im Nukleotidraum 71

Q

Qualitätsdichte 48, 52f, 105
–, maximale 47
Qualitätsdichtefeld 47, 49, 64
Qualitätsdichteverteilung 105, 115
Qualitätsfunktion 91f, 104f
–, lineare 24 ff
–, statische 112
–, Unstetigkeiten 137
Qualitätsgebirge 99f
Qualitätsmaß 46
Qualitätswerte, Ordnung 48
quaternäres Zahlensystem 58

R

Randbedingungen 15, 20, 29
Rastrigin, L. A. 126
Raumdistanzen 54
Raummodell, topographische
Eigenschaften 54
Reaktionsausbeute 147
Rechenautomat 57ff, 123
Rechengeschwindigkeit 88
Reduktionsteilung 70, 75
Regelanlage, pneumatische 37
Regelgröße 37
Regelgüte 38
Regelsystem, lineares 37
Regelungssysteme, biologische 14
Reglerparameter 39
Rekombination 67, 70f, 74f, 84ff,
88, 137, 144
–, Vorzugsrichtungen 78
Rekombinationshäufigkeiten 135
Rekombinationswahrscheinlichkeit 76
Rekursionsformel, *Besselfunktion* 118
Rippenwirkungsgrad 146
Rohrkrümmer 24, 32
Rotationskörper, veränderlicher 24

S

Schalterstellungen der Gene 20
Schleim von Fischen 13
Schmetterlings-Mimikry 87
Schrittweite, mittlere 124
–, optimale 103
Schutzmuster 86
Schwefel, H. P. 33
segmentierte Düse 34

Sekundärströmungen 32
Selbstverdoppelung, identische 21, 40, 49
Selektionskriterium 93
Selektionswert 14
sexuelle Vererbung 74
S-Form 29
Signalanpassung, evolutive 86
Simplex-Strategie 68f
Simplex-Verfahren 68
Sinnesorgane 14
Soll-Folge 84, 86
Stabilitätsgrenze 39
Stabtragwerk, gewichtsminimales 149
Störrauschen 112, 120, 122
Störungen, Meßfehler 123
Störung, impulsförmige 38
Strahldüse 147
Strahldüsenreaktor 148
Strategieparameter 135, 137
Streuungsfaktor, einzelner 135
–, gemeinsamer 135
Strömungsauftrieb 21, 78
Strömungskörper, widerstandsarmer 46
Strömungswiderstand 27ff
Suche, achsenparallele 65
Suchoptimierung, experimentelle 66
Suchverfahren, numerisches 65
synthetische Theorie der Evolution 19, 70

T

Tauglichkeitsänderung 53ff
Tauglichkeitsdichte 52, 62, 70, 133
–, maximale 52, 61
–, Null 52

Tauglichkeitsdichtefeld 49, 61f
Tauglichkeitsfunktion 55, 62f, 137, 141
–, Aminosäuren-Raum 145
–, geglättete 57
–, Schwankungen 57
Täuschungssignal 85
Taylor-Reihe 124
Testschritt 65
Testumgebung, sphärische 95f, 99
Theorie der Evolution 62
Thymin 49
Topologie, Erfolgsgebiete 99
–, Qualitätsdichtefeld 132
Tragflügelmodell 23
Tragflügelprofil 20
Translokation 72
Trefferwahrscheinlichkeitsdichte
106f, 115, 124f
Triplett 50

U

Übergangswahrscheinlichkeit 106
Übergangswahrscheinlichkeitsdichte
107, 111, 113, 116
Überlebens-Chancen 52
Umgebungsgebiet, sphärisches 95
Umlenkverlust 30, 32
Umwelt 21f
universeller Schrittweitenparameter 140
Urzelle 138

V

van der Waals-Kräfte 55
Variable, Evolutionsstrategie 135

variable Gußform 87
Variablenraum, biologischer 49, 52
–, technischer 52
Variationskurve, genetische 21
Vererbung, dominante und
rezessive 15, 45, 82
Vererbungsstrategie 14f
Verformung, elastische 23
Verkaufserfolg 88
Verstärkung 37
Verstellung, mechanische 23
Versuchstechnik, serielle 137
Verteilungsgesetz, Gesamtfehler 113
Viertelkreiskrümmen 32
Vitalität 20 f
Vorbild, biologisches 13, 15f
Vorhaltzeit 37

W


Wachstum, elektrolytisches 24
Wahrscheinlichkeitsdichte 93
Wärmeübergangskoeffizient 146 f
Wasser-Wasserdampf-
Zweiphasenströmung 36
Watson-Crick-Modell 49
Weizsäcker, C. F. von 138
Wertfunktion 63
Wettkampfschema,
–, zweigliedriges 40, 83, 88, 91
Wettkampfsituation 22, 25, 40, 144
Widerstandsgesetz 58
Widerstandskörper, variabler 26
Wiedemann, J. 149
Windkanalmodell 21, 23
Wirbeltierauge 61, 138
Wölbung, S-förmige 29

Würfelspiel 76
Würfel, vierdimensionaler 73

Z

Zahlenfolge, monoton nicht fallende 93
Zellkern 50
Zellplasma 50
Zickzack-Form 27
Zufallsaufteilung, Chromosomen 75
Zufallscode 58f

Zufallsgenerator, rechnerinterner 149
Zufallssprünge, normalverteilte 106, 110
Zufallssuchverfahren 126
Zufallsvektor 93
Zufallszahlen, binomialverteilte 26
-, normalverteilte 58
Zustandspunkte, diskrete 51
Zuverlässigkeit, biologische 14
Zweiphasendüse 147
Zweiphasen-Überschalldüse 33, 35f
Zwischenmaximum 99f
Zwischenminimum 29

 **Deutscher
Forschungsanstalt
für Luft-
und Raumfahrt e.V.**
Forschungszentrum Braunschweig
Zentralbibliothek
3300 Braunschweig-Flughafen

DLR/E-3 16668

Aus der Reihe problemata

Gottfried Gabriel

Definitionen und Interessen

Über die praktischen Grundlagen der Definitionslehre

Diese Arbeit ist eine kritische Auseinandersetzung mit der traditionellen Definitionstheorie im Horizont der Problematik von Erkenntnis und Interesse. Sie untersucht unterschiedliche Auffassungen zu der Frage des definitorischen Anfangs und der These von der Willkürlichkeit der Definitionen.

Jürgen Klüver

Operationalismus. Kritik und Geschichte einer Philosophie der exakten Wissenschaften

Ist Wissenschaft Erkenntnis vorgegebener Strukturen der Realität, oder ist sie Handlung, die Strukturen setzt?

Im Operationalismus wird Wissenschaft auf das Handeln gegründet und verstanden als Fortsetzung des praktischen Lebens.

Wolfgang Lenzen

Theorien der Bestätigung wissenschaftlicher Hypothesen

Behandelt wird ein Hauptthema der Wissenschaftstheorie. Ausgehend von den Arbeiten von Popper, Hempel und Carnap werden drei qualitative Bestätigungsbegriffe kritisch analysiert. Abschließend wird die Frage nach der wissenschaftlichen Relevanz der verschiedenen Bestätigungstheorien zu beantworten versucht.

Rainer Specht

**Innovation und Folgelast. Beispiele aus
der neueren Philosophie- und Wissenschaftsgeschichte**

Dieses Buch geht von der Annahme aus, daß Individuen und Gruppen in theorieabhängigen Eigenwelten leben, deren Veränderungen bestimmte theoretische und praktische Probleme lösen und gleichzeitig neue Probleme der unterschiedlichsten Art erzeugen.

Dieter Wandschneider

Formale Sprache und Erfahrung. Carnap als Modellfall

Der Trend zur Formalisierung in den Wissenschaften entspricht dem modernen Exaktheitsideal. An die Stelle des handelnden »Subjekts« soll der formale Kalkül treten. Die innere Dialektik dieses Ansatzes kann am Werk Carnaps besonders prägnant entwickelt werden. Demgegenüber wird eine Position skizziert, die Erfahrung als modellorientierte Praxis deutet.

Paul Weingartner

Wissenschaftstheorie I - III

Der erste Band dieser Trilogie führt ein in die Wissenschaftstheorie im allgemeinen. Der zweite Band behandelt die Wissenschaftstheorie der Logik und Mathematik, der dritte die der deskriptiven und normativen Erfahrungswissenschaften.

frommann-holzboog

- 83 August Nitschke
Revolutionen in Naturwissenschaft
und Gesellschaft
- 84 Wolfgang F. Schmid / Helmut Höfling
Technik zur Intelligenzsteigerung
- 85 Wolfgang F. Schmid
Technik des Lernens
- 86 Jacob Allerhand
Das Judentum in der Aufklärung
- 87 Ulrich Weiß
Das philosophische System von Thomas Hobbes
- 88 Gemma Jappe / Carl Nedelmann (Hrsg.)
Zur Psychoanalyse der Objektbeziehungen
- 89 Heinrich Böckerstette
Aporien der Freiheit und ihre Aufklärung
durch Kant
- 90 Asya L. Kadis et al.
Praktikum der Gruppenpsychotherapie
- 91 Ludwig Hasler (Hrsg.)
Schelling. Seine Bedeutung für eine
Philosophie der Natur und der Geschichte
- 92 Oscar Daniel Brauer
Dialektik der Zeit. Untersuchungen
zu Hegels Metaphysik der Weltgeschichte
- 93 Heinz Henseler / Christian Reimer
Selbstmordgefährdung
Zur Psychodynamik und Psychotherapie
- 94 Hans-Georg Deggau
Die Aporien der Rechtslehre Kants
- 95 Friedrich Wilhelm Korff
Der komische Kierkegaard
- 96 Rainer Stuhlmann-Laeisz
Das Sein-Sollen-Problem
Eine modallogische Studie
- 97 Ernst E. Boesch
Das Magische und das Schöne. Zur Symbolik
von Objekten und Handlungen
- 98 Wolfgang und Ingeborg Weber
Auf den Spuren des göttlichen Schelms
Bauformen des nordamerikanischen Indianer-
märchens und des europäischen Volksmärchens
- 99 Reinhard Brandt
Die Interpretation philosophischer Werke
Eine Einführung in das Studium antiker und
neuzzeitlicher Philosophie

