

3. prednáška

Darwinovská evolúcia ako algoritmus

3.1 Úvodné poznámky

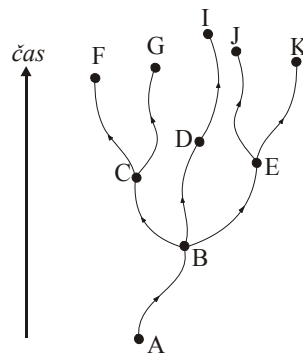
Evolučná teória spočíva v jednoduchej myšlienke, že život je v čase premenlivý a mladšie formy života nasledujú za staršími formami. Táto myšlienka už existovala pred Darwinom, ale až on a jeho nasledovníci ju rozvinuli do podoby umožňujúcej vysvetliť nielen rôznorodosť foriem života, ale aj adaptáciu živých organizmov vzhľadom k meniacemu sa okoliu. Podľa filozofujúceho biológa Mayra [40], koncepcia evolúcie spočíva v kombinácii nasledujúcich piatich princípov:

1. Živé organizmy sú *časovo premenné*, podliehajú evolučným zmenám.
2. Evolučné zmeny majú charakter *vetvenia*. Súčasný druh sú nasledovníci predchodcov existujúcich v minulosti. Podobne, súčasný druh môže tvoriť predchodcu jednému alebo viacerým budúcim druhom (pozri obr. 1).
3. Nové druhy vznikli tak, že *populácia sa rozštiepila* na izolované podpopulácie, ktoré potom navzájom evolučne divergovali za vzniku nových druhov.
4. Evolučné zmeny sú *postupné – graduálne*. Niektoré organizmy, ktoré sa odlišujú od svojich rodičov, sú schopné prežitia. Z týchto organizmov si niektoré vytvoria svoju vlastnú podpopuláciu zloženú z podobných organizmov, v ktorej sa zachovávajú ich špecifické odlišnosti.
5. Mechanizmom adaptívnej zmeny je *prírodný výber*.

Darwinovým veľkým úspechom [7] bolo, že pomerne rýchlo presvedčil svojich súčasníkov o existencii evolúcie, ktorej priebeh sa dá názorne reprezentovať stromom života (pozri obrázok 1). Bol evolučným gradualistom, ktorý veril v nahromadenie (akumuláciu) malých zmien v priebehu dlhých časových úsekov, ktoré sú interpretované ako evolučná zmena. Toto jeho „gradualistické“ evolučné presvedčenie bolo všeobecne prijaté až v prvej polovici 20. storočia hlavne zásluhou trojice matematikov – štatistikov Fishera, Wrighta a Haldanea, ktorý spojili populačnú genetiku s evolučnou teóriou za vzniku modernej evolučnej teórie nazývanej *neodarwinizmus*. Dôležitosť izolácie populácie vznikajúceho nového druhu zostala kontroverznou otázkou evolučnej teórie ešte o mnoho dlhšie. Tento pohľad na mechanizmus vzniku nových druhov sa stal všeobecne akceptovaným až zásluhou prác Mayra z polovice 20. storočia.

Súčasná evolučná biológia stojí pred dvoma dôležitými problémami, ktoré sa snaží vysvetliť. Prvým problémom je *neobyčajná rôznorodosť* foriem života na našej planéte. Až darwinizmus poskytol vysvetlenie tejto skutočnosti, kde vedľa seba existuje mnoho druhov, ktoré sú morfológicky zásadne odlišné a ktoré na prvý pohľad nemajú medzi sebou skoro nič spoločné. Druhý, nemenej dôležitý problém je *adaptácia*. Štruktúrovaná zložitosť

organizmov, ich adaptácia na životné prostredie, je rovnako prekvapujúca ako rôznorodosť organizmov. Zmyslové orgány sú klasickým príkladom zložitej a jemne naladenej adaptácie. Medzi najväčšie úspechy darwinizmu patrí prírodovedecké vysvetlenie adaptácie pomocou prírodného výberu založeného na prežívaní lepšie prispôbených organizmov (s väčším fitness) a dedení získaných vlastností. Evolučné zmeny sú určené variáciami v populácii, rozdielmi vo fitness spôsobenými týmito variáciami a genetickým prenosom. Adaptívne zmeny sa uskutočňujú aj napriek často zmieňovanej skutočnosti, že mechanizmy spôsobujúce variabilnosť populácie (hlavne mutácie) nesúvisia priamo s výhodnosťou adaptívnych zmien. Tak napr. adaptívny posun farby peria vtáka prebieha postupne, v priebehu mnohých generácií a závisí od kumulatívneho výberu. Ak výber má vysvetliť adaptáciu, potom musí byť kumulatívny. Inovácia je výsledkom dlhej postupnosti epizód výberu, pretože pravdepodobnosť požadovanej náhlej adaptačnej zmeny prostredníctvom mutácie je zanedbateľne malá. Súčasne s adaptačnými zmenami prebieha aj proces diverzifikácie populácie, adaptácia na nové prostredie a postupná divergencia jednotlivých podpopulácií od seba.



Obr. 1. Schematické znázornenie vzniku nových druhov (označených písmenami A, B, ...) v priebehu evolúcie. Druh A je predchodcom druhu B, druh B je spoločným predchodcom nových druhov C, D a E. Priebeh evolúcie sa dá názorne reprezentovať pomocou tohto „stromu života“.

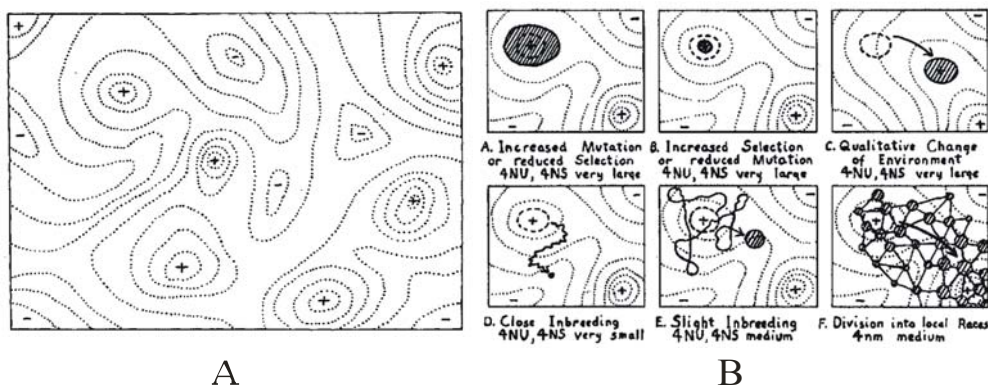
Určité pochybnosti pri akceptovaní Darwinovej evolučnej teórie neustále pretrvávajú [4] v súvislosti s vysvetlením mechanizmov vzniku nových zložitostí. Tieto zložitosti majú komplexnú štruktúru, pričom ich architektúra je obvykle ireducibilného charakteru, t.j. nemôžeme odstrániť ani jeden element štruktúry bez straty funkčnosti celej zložitosti. V tomto smere existuje v súčasnosti najviac námietok proti evolučnej teórii, ako principiálne neschopnej vysvetliť pomocou prírodného výberu a adaptácie vznik nových kvalít, kreativitu živej prírody. Evolučný vznik nových kvalít, nových zložitostí, je obvykle sprevádzaný aj veľkou prestavbou genotypu organizmu, zmenou jeho modulárnej štruktúry a interakcie jednotlivých modulov medzi sebou. Gradualizmus klasického darwinizmu (aj neodarwinizmu) vychádza implicitne z predpokladu, že štruktúra genotypu je nemenná, môže sa meniť len zložením jednotlivých alel genotypu, bez zmeny jeho modulárnej štruktúry a pod. Tento problém stojí pred moderným darwinizmom [5,30,31,49] ako dôležitá neriešená úloha, ktorej riešenie už bude vyžadovať úzku spoluprácu s informatikmi modelujúcimi *in-silico* evolúciu. Evolučný nárast zložitosti je formálne zložitý problém, ktorý sa nedá riešiť len na verbálnej kvalitatívnej úrovni, ale vyžaduje spoluprácu s teoretickými biológmi a informatikmi, ktorí sa venujú počítačovým simuláciám evolúcie.

V tejto sekcii uvedieme v chronologickom poradí vybrané názory, koncepcie na darwinovskú evolúciu, ktoré podľa názoru autorov zohrali významnú úlohu pri vzniku a rozvíjaní univerzálneho darwinizmu. Ako informatici pracujúci v umelej inteligencii a v kognitívnej vede, budeme preferovať také názory, ktoré viedli k pohľadu na evolúciu ako

na univerzálne platný optimalizačný algoritmus, ktorého „materiálna“ realizácia - implementácia je nezávislá od pôvodnej biologickej realizácie evolúcie.

3.2 Wrightov pohľad na evolúciu ako na optimalizáciu [51]

V prírodnom výbere má dominantné postavenie koncepcia *fitness* organizmov, ktorý je špecifikovaný ako relatívna schopnosť prežitia a reprodukovania sa v danom *prostredí* a v danej *populácii*. Vo všeobecnosti, fitness je chápaný nielen ako atribút genotypu ale aj populácie. Tento postulát odráža naše predstavy o fitness, ako o veličine, ktorá kvantifikuje nielen prežívanie a schopnosť reprodukcie jednotlivých organizmov, ale aj ich vzájomnú interakciu v populácii. Vlastnosti určujúce fitness sa aspoň čiastočne prenášajú z rodičov na potomkov, t.j. sú zafixované v genotype jedincov populácie. Potomkovia rodičov s väčším fitness budú početnejší a taktiež aj "silnejší" ako potomkovia "slabších" rodičov.



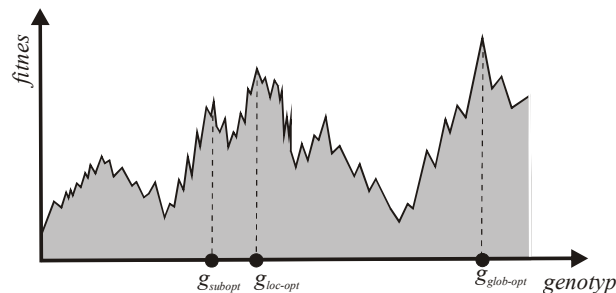
Obr. 2. Jeden z najslávnejších obrázkov neodarwinizmu, ktorý pochádza od amerického populačného genetika a evolučného biológa Sewalla Wrighta [51]. (A) Znárodňuje povrch fitness funkcie obsahujúci množstvo lokálnych extrémov (miním a maxim). Evolúciu charakterizoval ako adaptívny proces (v matematickej terminológii "optimalizačný proces"), kde genotyp populácie je adaptovaný tak, že dosiahne lokálne (snáď aj globálne) optimum – maximum na povrchu fitness funkcie. (B) Wright navrhoval rôzne mechanizmy, ako prekonať hlboké údolia medzi dvoma maximami. Svoju pozornosť v tomto smere sústredil hlavne na možnosť genetického driftu malej populácie, ktorá je dočasne izolovaná od hlavnej populácie a kde drift nadobúda význam s poklesom významu prirodzeného výberu. V takomto evolučnom „taviacom kotlí“ dochádza k neočakávaným zmenám genotypu, čo sa môže prejaviť aj preskokom z jedného maxima na druhé maximum. Týmto spôsobom vysvetľoval Wright mechanizmus toho (pozri motto tohto príspevku), ako sa genotyp populácie môže presunúť z nižšieho vrcholu na vyšší vrcholu povrchu fitness.

Koncepcia *povrch fitness* (pôvodne „adaptive fitness landscape“) (pozri obr. 2, diagramy A a B) pochádza od jedného zo zakladateľov neodarwinizmu Sewalla Wrighta, ktorý v r. 1932 navrhol [51] túto koncepciu, ktorá predstavuje jednoduchý heuristický prístup ako vizualizovať proces evolúcie populácie organizmov. Evolúcia populácie môže byť pomocou tohto obrázku interpretovaná ako pohyb populácie smerom k vrcholu s najväčším fitness. V dôsledku existencie mutácií, tento pohyb populácie na povrchu fitness má stochastický charakter. V tejto súvislosti sa zdôrazňuje, že práve vďaka mutáciám, organizmy populácie majú šancu „preskúmať“ väčšiu oblasť na povrchu fitness a tak potenciálne dosiahnuť v procese evolúcie globálne maximum na povrchu fitness. To znamená, že evolučný proces môžeme charakterizovať ako *optimalizačný proces*. Formálne túto skutočnosť môžeme vyjadriť pomocou diskrétného optimalizačného problému

$$\mathbf{g}_{opt} = \arg \max_{\mathbf{g} \in \{a,b,\dots\}^n} f(\mathbf{g}) \quad (1)$$

kde $f(\mathbf{g})$ je fitness funkcia, ktorá priradí každému genotypu \mathbf{g} zostrojenému nad abecedou $\{a,b,\dots\}$ kladné reálne číslo - fitness, výsledné riešenie \mathbf{g}_{opt} reprezentuje genotyp nachádzajúci

sa na globálnom maxime povrchu funkcie fitness. Evolučným cieľom organizmov je optimálna adaptácia v danom prostredí. Vlastnosti povrchu fitness (extrémna multimodalnosť) určujú ako ťažko sa požadované optimálne riešenie nájde „prirodzeným“ evolučným procesom. Vychádzajúc z tejto metafory povrchu fitness, Wright formuloval aj ciele evolúcie takto „Ústredným problémom evolúcie je navrhnuť taký mechanizmus, ktorým organizmy môžu nájsť spojitú cestu z nižšie položeného vrcholu na vyššie položený vrchol“ (pozri obrázok 3).



Obr. 3. Povrch fitness bol prvýkrát použitý v Darwinovej teórii americkým biológom Sewalom Wrightom v r. 1932 [51], ktorý charakterizoval evolúciu ako optimalizačný problém (v jeho terminológii adaptačný problém) nad povrchom fitness, ktorý je charakterizovaný funkciou f . Výsledný genotyp populácie je priradený bodu – lokálne optimálnemu genotypu $g_{loc-opt}$ – s vysokou (ale nie najväčšou) hodnotou fitness. Globálne optimálne riešenie označené $g_{glob-opt}$ reprezentuje také riešenie, ktoré má maximálnu funkčnú hodnotu na povrchu fitness. Obrazne povedané, Darwinova evolúcia musí mať prostriedky ako prekonať hlboké údolie pri pohybe z suboptimálneho riešenia g_{subopt} k blízkemu lokálne-optimálnemu riešeniu $g_{loc-opt}$. Pretože Darwinova evolúcia je stochastický optimalizačný algoritmus prebiehajúci na povrchu fitness funkcie, pravdepodobnosť získania globálne optimálneho stavu nie je stopercentná, nie vždy je toto riešenie dosiahnuteľné z danej počiatočnej populácie a v reálnom čase.

3.3 Hollandov genetický algoritmus

Genetické algoritmy boli vynájdené informatikom Johnom Hollandom [25] počiatkom 70-tych rokov minulého storočia. Po určitej nábehovej 10-ročnej perióde rozpakov a mlčania v komunite informatikov, stali sa jednou z najbúrlivejšie rozvíjajúcich sa oblastí informatiky a umelej inteligencie [15,37]. Možno konštatovať, že spolu s neurónovými sieťami tvoria jadro novovznikajúcej oblasti nazývanej počítačová inteligencia, ktorá je schopná riešiť praktické inžinierske problémy z informačných technológií, ktoré vyžadujú vysoký stupeň „inteligencie“¹. V tejto podkapitole ukážeme základné princípy genetických algoritmov.

Genetický algoritmus nemanipuluje priamo so živými organizmami, ale s ich genetickou reprezentáciou. Pôvodný Hollandov názov pre túto reprezentáciu bol „chromozóm“, žiaľ táto pôvodná terminológia vyvolávala medzi biológmi rôzne asociácie s čisto biologickým významom tohto termínu, ktoré nesúviseli s problematikou genetického algoritmu, preto budeme tieto informačné entity nazývať „replikátory“. Postulujeme, že replikátory majú schopnosť sa rozmnožovať – replikovať, a to buď unárne (asexuálne) alebo binárne (sexuálne). Pri unárnej replikácii sa zúčastňuje procesu jeden replikátor - rodič, zatiaľ čo pri binárnej replikácii sa zúčastňujú procesu dva replikátory – rodičia. Rodičia (rodič) sú kvázi náhodne vybraní z populácie v závislosti na ich fitness (replikátory s väčším fitness s väčšou pravdepodobnosťou vstupujú do replikácie) a produkujú nové replikátory - potomkov. Budeme rozlišovať tieto tri zložky replikačného procesu:

- (1) *selekcia* rodičov,
- (2) *replikácia* rodičov, pričom vznikajú potomkovia, a

¹ V modernej informatike sa pod termínom „inteligentný systém“ rozumie taký „agent“, ktorého kognitívny orgán (reprezentovaný subsymbolickou neurónovou sieťou alebo symbolickým expertným systémom) je schopný adaptácie (učenia) pri zmene prostredia alebo cieľov, ktoré sa spontánne vynárajú pri pohybe v tomto prostredí.

(3) návrat potomkov do populácie.

V prvom kroku binárnej replikácie sa vyberú pomocou stochastického operátora O_{select} z populácie P dva replikátory $\mathbf{x}_1^{old} = O_{select}(P)$, $\mathbf{x}_2^{old} = O_{select}(P)$ tak, že pravdepodobnosť ich výberu je úmerná ich fitness. V druhom kroku použitím stochastického operátora replikácie O_{repli} z rodičov dostaneme potomkov \mathbf{x}_1^{new} a \mathbf{x}_2^{new} .

$$(\mathbf{x}_1^{new}, \mathbf{x}_2^{new}) = O_{repli}(\mathbf{x}_1^{old}, \mathbf{x}_2^{old})$$

V unárnej (asexuálnej) replikácii sa na tvorbe potomkov podieľa len jeden replikátor – rodič. Formálne, tento proces môžeme vyjadriť takto

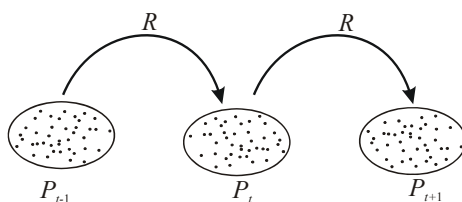
$$\mathbf{x}^{old} = O_{select}(P) \text{ a } \mathbf{x}^{new} = O_{repli}(\mathbf{x}^{old})$$

V prvom kroku je kvázináhodne vybraný rodič, v druhom aplikáciou stochastického operátora reprodukcie O_{repro} sa z replikátora - rodiča vytvorí replikátor – potomok. Prečo hovoríme, že operátor reprodukcie replikátorov je stochastický? Tento operátor z rodiča (rodičov) vyrobí potomka (potomkov) určitým procesom, ktorý nie je striktno deterministický, takže potomkovia nie sú presnými kópiami rodičov, ale majú určitú malú variabilitu vzhľadom k rodičom, čím je zabezpečená variabilita populácie. V treťom kroku sa rieši problém návratu potomka do populácie. Pseudopascalovský kód takto určenej Darwinovej evolúcie je daný nasledujúcim algoritmom:

Algoritmus 1.

```
P:=náhodne vygenerovaná populácia replikátorov;
t:=0;
while t<tmax do
begin
  t:=t+1;
  Q:=∅;
  while |Q|<|P| do
  begin
    x1:=Oselect(P); x2:=Oselect(P);
    (x1', x2'):=Orepli(x1, x2);
    Q:=Q∪{x1', x2'};
  end;
  P:=Q;
end;
```

Algoritmus je inicializovaný náhodnou generáciou populácie P . Evolúcia populácie je obsiahnutá vo vnútri **pokiaľ-urob**-cyklu, ktorý sa opakuje t_{max} -krát. V rámci jednej epochy sa vytvorí nová populácia Q , ktorá sa tvorí opakovanou replikáciou dvoch rodičovských genotypov, ktoré majú vysoký fitness. Nová populácia Q nahradí pôvodnú populáciu P (pozri obrázok 4).

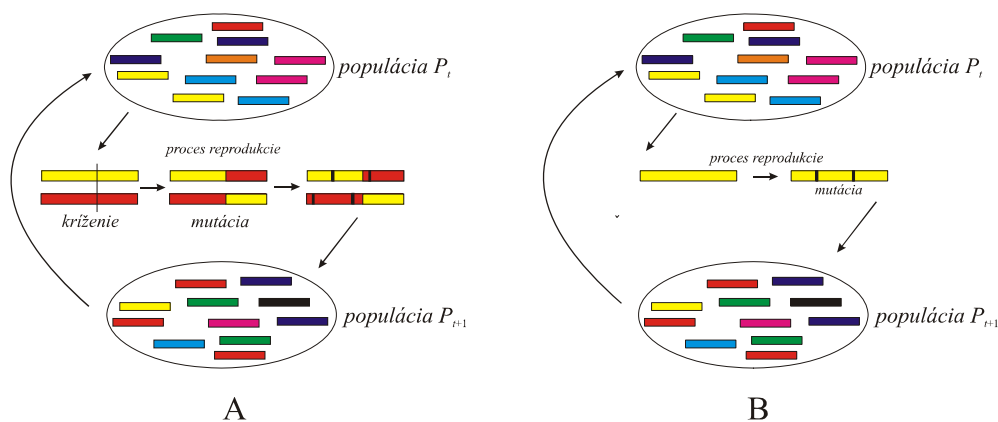


Obr. 4. Schematické znázornenie rekurzívneho charakteru Darwinovej evolúcie, nová populácia sa vytvára z predchádzajúcej populácie aplikáciou stochastického operátora reprodukcie R .

Darwinova evolúcia môže byť interpretovaná ako *rekurentný proces*, v ktorom nasledujúca populácia je vytvorená reprodukciou predchádzajúcej populácie (pozri obrázok 4)

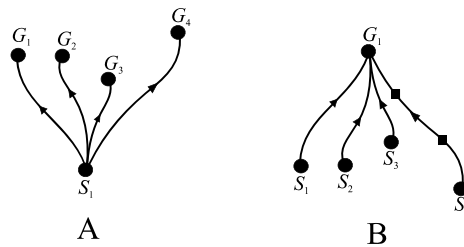
$$P_{t+1} = R(P_t)$$

Funkcia R kvázinahodne (vzhľadom k fitness replikátorov) priradí k populácii P_t nasledujúcu populáciu P_{t+1} . Cieľom tejto rekurezie – evolúcie darwinovského systému – je spontánna emergencia replikátorov s vysokým fitness, ktoré sa vyvinú z počiatočných, náhodne generovaných replikátorov, tvoriacich populáciu P_0 . Hybnou silou evolúcie darwinovského systému je (1) prírodný výber a (2) spontánne mutácie. Z tohto pohľadu môžeme povedať, že evolúcia systému prebieha na hrane chaosu a poriadku. Mechanizmy selekcie najlepšie prispôsobených replikátorov pomocou prírodného výberu a neustála zmena replikátorov v populácii dôsledkom stochastických mutácií pri replikačnom procese, sú hlavným zdrojom evolúcie systému, postupného zvyšovania priemerného fitness v celej populácii (pozri obrázok 5).



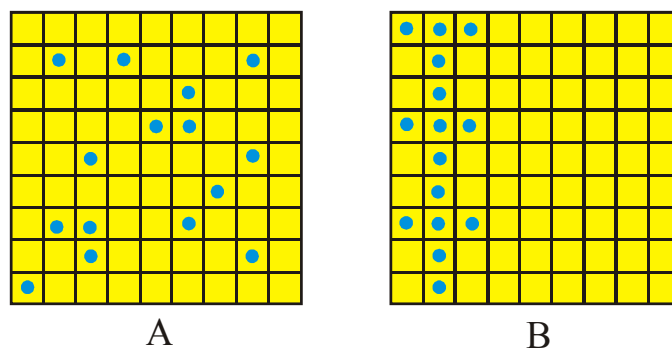
Obr. 5. (A) Schematické znázornenie genetického algoritmu s binárnou reprodukciou. Vychádza sa z aktuálnej populácie P_t , z ktorej opakovane vyberáme dvojice rodičovských replikátorov (pravdepodobnosť výberu je úmerná ich fitness). V reprodukčnom procese ich replikácia je založená na tzv. križení, ktoré spočíva v tom, že pri kopírovaní replikátorov najprv využívame pôvodnú časť replikátora 1. rodiča a potom (s určitou pravdepodobnosťou) aj časť replikátora 2. rodiča. Vzniknuté replikátory ešte prechádzajú procesom mutácie, pri ktorom s malou pravdepodobnosťou sa zavedú do replikátora chyby (na obrázku sú znázornené malými vertikálnymi čiarami). Takto vytvorené replikátory vytvárajú novú populáciu potomkov, ktorá, keď obsahuje rovnaký počet replikátorov ako rodičovská populácia, sa osamostatní a podobný proces reprodukcie sa opakuje. **(B)** Genetický algoritmus s unárnou reprodukciou, replikátory potomkov sa vytvárajú len jednoduchým kopírovaním rodičovských replikátorov spolu s málo pravdepodobnými mutáciami.

Zatiaľ sme bližšie nešpecifikovali reprodukčný proces. Holland zaviedol pre binárnu (sexuálnu) reprodukciu proces križenia, ktorý spočíva v tom, že z dvoch rodičovských replikátorov sa kopírovaním vytvorí dva nové replikátory potomkov, avšak pri tomto kopírovacom procese prvá časť sa kopíruje z 1. rodiča, zatiaľ čo nasledujúca časť sa kopíruje z 2. rodiča. Táto možnosť použitia časti replikátora 2. rodiča pri vytváraní nového replikátora sa využíva len s určitou pravdepodobnosťou (preto môže nastať situácia, že replikátor potomka je kópiou replikátora len jedného rodiča). Súčasťou reprodukčného procesu sú aj tzv. mutácie, ktoré pri tvorbe replikátorov potomkov vytvárajú s malou pravdepodobnosťou náhodné zmeny, pozri obr. 5, diagram A. Genetický algoritmus s unárnou (asexuálnou) reprodukciou je zjednodušenou verziou predošlej verzie s binárnou reprodukciou, križenie je v tomto prípade vylúčené (jeden rodič sa nemôže sám so sebou križiť), pozri obrázok 5, diagram B.



Obr. 6. Dva rôzne priebehy evolúcie v genetickom algoritme. Diagram A znázorňuje prípad, v ktorom sledujeme rôzne priebehy evolúcie pre jeden východiskový bod S_1 , v dôsledku stochastického charakteru evolúcie z tohto východiskového stavu môžeme dostať rôzne finálne stavy G_1 , G_2 , G_3 a G_4 . Predpovedať, ktorý z týchto finálnych stavov dostaneme je skoro nemožné pre enormnú kombinatoriálnu zložitosť problému (obrazne môžeme povedať, že nepoznáme také výpočtové zariadenie, ktoré by bolo schopné v reálnom čase vykonať vyčerpávajúcym spôsobom rekonštrukciu všetkých možných evolučných trajektórií. Diagram B odpovedá opačnej situácii, poznáme konečný stav evolúcie a hľadáme možné evolučné trajektórie s počiatočnými stavmi S_1 , S_2 , S_3 a S_4 , ktoré by viedli k danému finálnemu stavu G_1 . Podobne, ako v predchádzajúcom inverznom prípade, aj táto rekonštrukcia evolúcie so zadaným finálnym stavom je enormne zložitý kombinatoriálny problém. Určité záchytné body (reprezentované plnými štvorcami na trajektórii vedúcej z počiatočného stavu S_4) nám môžu podstatne zjednodušiť rekonštrukciu evolučnej trajektórie; tie trajektórie, ktoré neobsahujú tieto body sú automaticky vylúčené z našich úvah.

Genetický algoritmus má silne stochastický charakter. V dôsledku existencie náhodných mutácií, kvázináhodného výberu do procesu reprodukcie (a taktiež aj možnosti náhodného vyhynutia replikátorov populácie s vysokým fitness pred ich vstupom do reprodukčného procesu), evolučné algoritmy nemajú deterministický charakter, t.j. nemôžeme presne predvídať evolúciu populácie, pozri obrázok 6.



Obr. 7. Dva ilustračné príklady zložitostí rôzneho typu. Diagram A znázorňuje náhodne rozmiestnené body na mriežke, diagram B znázorňuje body umiestené do tvaru trojkriža.

Na druhej strane, jednoduchý organizmu, napr. baktéria je adaptívna zložitosť, pretože vykazuje tak znaky zložitosti, ako aj adaptivity na zmenu prostredia. Existencia adaptívnej zložitosti je *hlavným kritériom existencie života*. Ak na nejakej planéte nájdeme nejaké hmotné štruktúry, ktoré môžeme klasifikovať ako adaptívnu zložitosť, potom môžeme deklarovať s vysokým stupňom istoty, že na planéte existuje (alebo existoval) život. Cieľom každej evolučnej teórie je vysvetliť vznik adaptívnej zložitosti, t.j. experimentálny fakt, ktorý niektorí pokladajú za dôkaz existencie Tvorcu.

Budeme študovať jednoduchý ilustračný príklad zložitosti pomocou 15 objektov, ktoré sú rozmiestnené na mriežke 9×9 , pozri obr. 7. Diagram A nám znázorňuje typické náhodné rozmiestnenie objektov na mriežke, môžeme konštatovať, že pravdepodobnosť vzniku podobného "chaotického" rozmiestnenia je skoro jednotková, $p_A = 1 - \varepsilon$, kde ε je malé kladné číslo. Potom pravdepodobnosť vzniku rozmiestnenia B (alebo podobného posunom alebo rotáciou) bude $p_B = \varepsilon$. Informačný obsah nejakého obrazca, ktorý vzniká s pravdepodobnosťou

p je definovaný vzťahom $I = -\ln_2 p$. Potom informačný obsah našich obrazcov A a B má tieto hodnoty

$$I_A = -\ln_2(1 - \varepsilon), \quad I_B = -\ln_2 \varepsilon \quad (2a)$$

Pre jednoduchosť odhadneme len asymptotické hodnoty týchto informačných obsahov pre malé kladné ε , dostaneme

$$\lim_{\varepsilon \rightarrow 0_+} I_A = 0, \quad \lim_{\varepsilon \rightarrow 0_+} I_B \rightarrow \infty \quad (2b)$$

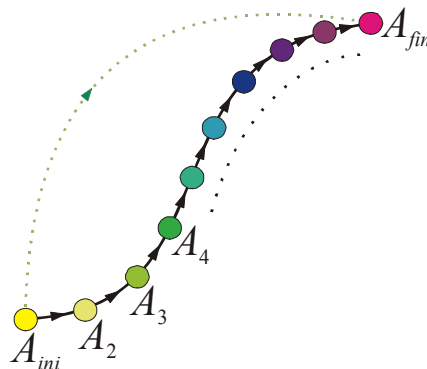
To znamená, že v súhlase s našim očakávaním, obrazec A má nulový informačný obsah, zatiaľ čo obrazec B má skoro nekonečný informačný obsah. K lepšiemu pochopeniu tohto výsledku predstavme si nasledujúcu situáciu: Prechádzame sa po morskom pobreží na neznámom ostrove a nájdeme obrazec A, na ktorom sú objekty - kamene náhodne rozmiestnené. Na základe našich predchádzajúcich úvah vieme, že tento obrazec má nulový informačný obsah, nedáva nám žiadnu správu o svojom tvorcovi. Naopak, ak by sme našli obrazec B, na ktorom kamene sú umiestnené pravidelne do tvaru troj-kríža, získali sme správu o veľkom informačnom obsahu, vieme skoro so 100% istotou, že na ostrove musí existovať tvorca obrazca.

Tento príbeh je parafrázou argumentácie anglikánskeho teológa Williama Paleyho z prelomu 18. a 19. storočia [44], ktorý vo svojej knihe „*Natural Theology*“ dôvodil, že každá adaptívna zložitosť musí mať svojho tvorcu (každé hodiny majú svojho hodinára – tvorcu). Tento argument sa neustále opakuje v rôznych verziách ako argument proti evolučnej teórii už skoro dvesto rokov. V súčasnosti je zmodernizovaný do podoby tzv. ireducibilnej zložitosti [4], ktorej príkladom môžu byť rôzne zložité orgány vnímania fungujúce len vtedy, ak obsahujú všetky svoje časti v správnom nastavení. Ak chýba čo len jedna súčasť tejto ireducibilnej zložitosti, stáva sa totálne nefunkčnou². Keď rozmyšľáme zjednodušene evolucionisticky, „nedokončený“ orgán vnímania nepredstavuje pre organizmus žiadnu evolučnú výhodu, čiže nemôže existovať ani selekčný tlak na jeho vznik.

Nedávno sa diskutoval v evolučnej psychológii a v kognitívnej vede podobný problém evolučného pôvodu „univerzálnej gramatiky“, pôvodne postulovanej americkým lingvistom Noamom Chomskym [6] v 60. rokoch minulého storočia, ako nutnej štruktúry našej mysle (mozgu) k tomu, aby bol schopný vysvetliť akvizíciu jazyka malým deťom počúvaním jednoduchých gramatických viet, bez nutnosti poznania gramatických pravidiel danej reči. Evolúcia nevytvorila schopnosť ľudskej reči úplne od počiatku v priebehu ostatných niekoľkých miliónov rokov, ale použila materiál, ktorý už bol k dispozícii, ktorý bol podstatne evolučne starší, ako práve vznikajúci jazyk. Evolúcia využíva už existujúce štruktúry pre nové, často prekvapujúce ciele. Anatomická štruktúra mozgu humanoidných opíc je veľmi podobná anatomickej štruktúre ľudskeho mozgu, medzi opicami a ľuďmi môžu byť pomerne presne identifikované mnohé vzájomne si odpovedajúce oblasti mozgu. Oblasť ľudskeho mozgu, ktoré sú označené ako za centrum reči, u opíc sú identifikované ako oblasti pre kontrolu svalov tváre a pre analýzu zvukového vstupu. Táto skutočnosť asi podstatne uľahčila evolučné „predrôtovanie“ týchto oblastí pre účely vzniku ľudskej reči. Z týchto úvah vyplýva, že ľudský jazykový inštinkt nie je dielom „zázračnej“ mutácie, alebo povedané poetickým jazykom Dawkinsa, *náhla inšpirácia slepého hodinára riadiaceho evolúciu* [9], ale dôsledkom niekoľko sto milión rokov, v ktorých evolúcia experimentovala so živočíšnou kogníciou. Adaptívny význam ľudskeho jazyka je nespochybniteľný – umožňuje hovoriť. Spolupráca pri lovení, plánovanie, koordinovanie aktivít, podieľanie sa na spoločných

² Klasickým „úsmevným“ príkladom neredukovateľnej zložitosti je pasca na myši, ktorá obsahuje 5 súčastí: drevenú doštičku, pružinu, drôtový rám, drôtovú závlačku a plechovú poistku. Ak chýba z týchto súčastí čo len jedna časť, pasca sa stáva nefunkčnou.

úlohách, sociálne väzby, manipulácia alebo podvádžanie, toto všetko môže mať úžitok zo zvyšovania schopnosti komunikovať ľudským jazykom.



Obr. 8. Znáznomenie evolučnej tvorby komplexného orgánu (napr. oka stavovcov), proces je inicializovaný evolučným vznikom jednoduchého „protoorgánu“ A_{ini} , cez prechodné riešenia A_i , až po konečné riešenie A_{fin} . Zložitosť orgánu postupne rastie, dva evolučne susedné orgány sú si podobné, evolučný prechod $A_i \rightarrow A_{i+1}$ je dobre interpretovateľný pomocou mutácie genotypu organizmu. Každý orgán má špecifikovanú úlohu, ktorá určuje aj selekčný tlak na jeho vznik, tieto úlohy sa môžu v priebehu evolúcie podstatne meniť. Preto môžeme evolučnú úlohu vzniku komplexného orgánu formulovať ako zložitú optimalizačnú úlohu pohyblivého cieľa. Počiatočný a konečný stav je spojený čiarou, ktorá reprezentuje možnosť priameho „evolučného skoku“ z A_{ini} na A_{fin} . Táto evolučná zmena by vyžadovala zásadnú prestavbu genotypu, ktorá je jednou mutáciou nerealizovateľná, preto pravdepodobnosť takého evolučného skoku je skoro nulová.

Záver vyplývajúci z obr. 8 môžeme zovšeobecniť tak, že evolučný vznik zložitých živočíšnych orgánov neprebíhal priamočiaro za vzniku hotového orgánu požadovanej zložitosti, ale postupne využíval³ staršie štruktúry organizmu, ktoré boli prispôbené na nové potreby. Týmto spôsobom je zabezpečený neustály selekčný tlak vedúci v konečnom dôsledku na vznik komplexného orgánu prostredníctvom medzistupňov, ktorých význam môže byť veľmi vzdialený významu konečného orgánu (pozri obrázok 8).

Niekoľko poznámok k problémom reprodukcie a dedičnosti, ktorých významnou časťou je tzv. embryogenéza, čo je spôsob vzniku a vývoja nových jedincov zo zárodokov. Budeme rozlišovať dva druhy embryogenézy:

- (1) *Epigenetická embryogenéza*, kde nový organizmus vzniká delením jednej "zárodočnej" bunky, tento druh embryogenézy sa vyskytuje na našej planéte pri reprodukcii biologických systémov. Môže byť zjednodušene chápaná ako *recept* na prípravu koláča, kde je uvedené nielen to čo koláč obsahuje ale aj jeho príprava.
- (2) *Preformačná embryogenéza*, kde nový organizmus je reprezentovaný zárodkom, ktorý obsahuje všetky detaily dospelého organizmu. Tento typ embryogenézy môžeme formálne prirovnať k plánu budovy alebo stroja, kde sú podrobne uvedené všetky detaily. Existencia tohto druhu embryogenézy je pre nás hypotetická, na našej planéte sa nevyskytuje. Snáď v budúcnosti sa preformačná

³ Podľa francúzskeho molekulárneho biológa F. Jacoba [28], darwinovská evolúcia organizmov so zložitou hierarchickou štruktúrou postupuje tak, že prebieha dominantne len na najvyšších hierarchických úrovniach, pričom nižšie hierarchické úrovne sú v podstate evolučne uzavreté – invariantné. Evolúcia môže zasahovať do nižších hierarchických úrovní len veľmi vzácně a aj to len formou tzv. „bricolage“ (fušerstva), t.j. používa štruktúry, ktoré sú na danej úrovni bezprostredne k dispozícii. Napríklad, biochémia bunky bola evolučne uzavretá už pred miliardami rokov, po vzniku mnohobunkových organizmov evolúcia len veľmi vzácně zasahuje na tejto nízkej hierarchickej úrovni (preto môže existovať univerzálne platný vedný odbor biochémia). V prípade fatálnej potreby, evolúcia sa pokúša aj na tejto úrovni pomocou „bricolage“ riešiť vzniklý problém. Takouto „bricolage“ môže byť aj evolučný vznik univerzálnej gramatiky, keď evolúcia použila „predpripravené“ štruktúry v mozgu, ktoré pôvodne vykonávali iné funkcie. V súčasnej evolučnej teórii je „bricolage“ pokladaná za jeden z hlavných mechanizmov vzniku zložitých orgánov zo starších štruktúr, ktoré mohli pôvodne hrať úlohu celkom odlišnú od výsledku „bricolage“. Niektorí evoluční biológovia idú tak ďaleko, že evidentnú existenciu „bricolage“ vo fenotype druhu pokladajú za jeden z hlavných dôkazov evolučného vzniku druhov.

embryogenéza bude vyskytovať aj na našej planéte v súvislosti s reprodukciou umelých robotických systémov.

Pre evolúciu je primárne dôležitá tzv. *reverzibilita embryogenézy*, t.j. vzťah medzi genotypom a fenotypom, genotyp \Leftrightarrow fenotyp. Formálne povedané, či sa genotyp jednoznačne zobrazuje na fenotyp a naopak (t.j. či z fenotypu vieme dekódovať genotyp organizmu). Tento vzťah medzi genotypom a fenotypom je veľmi dôležitý pri diskusii takej evolúcie, ktorá umožňuje prenos získaných vlastností na potomkov (Lamarckovská evolúcia). Preformačná embryogenéza umožňuje prenos získaných vlastností do genotypu, pretože vzťah medzi genotypom a fenotypom je jedno-jednoznačný. Táto reverzibilita neexistuje pre epigenetickú embryogenézu. Ak použijeme metaforu, podľa ktorej je genotyp niečo ako recept na prípravu koláča, potom z výslednej štruktúry koláča sa nám nepodarí jednoznačne zostrojiť recept podľa ktorého bol vytvorený. Z tohto dôvodu Lamarckovská evolúcia (dedenie získaných vlastností) nemôže existovať na našej planéte, kde živé systémy používajú výhradne len epigenetickú embryogenézu. Niekde vo vesmíre môžu existovať živé systémy, ktoré využívajú preformačnú embryogenézu, potom je možné, že medzi týmito živými systémami prebieha Lamarckovská evolúcia založená na prenose získaných vlastností z rodiča na potomkov.

Dawkins poukázal vo svojej eseji [8] na fakt, ktorý sa často ignoruje, že aj keď pripustíme možnosť Lamarckovskej evolúcie, ktorá predpokladá genetický prenos získaných vlastností z rodičov na potomkov, neexistencia prírodného výberu⁴ spôsobuje malú špecifičnosť evolúcie adaptívnych zložitostí. Ak aj doplníme Lamarckovu evolúciu o postulát prírodného výberu, táto „zmeska“ darwinovskej a Lamarckovskej evolúcie je priveľmi „oportunistická, vždy vyberá len najbližšie optimálne riešenie, čo spôsobuje „zamrznutie“ evolučnej trajektórie v lokálnom minime. Lamarckovská evolúcia s prírodným výberom už môže poskytovať adaptívne zložitosti, ale tieto sú ďaleko od globálne – optimálnych riešení. Budú vznikať „evolučné kreatúry“, ktoré evolučne „zamrzli“ v nejakom suboptimálnom riešení bez šance ďalšieho evolučného vylepšovania.

3.4 Dennettov pohľad na evolúciu ako na algoritmus

Dennett v knihe „*Darwin's Dangerous Idea*“ [11] anticipoval Dawkinsove názory na univerzálnosť Darwinovej teórie tak, že zdôraznil jej algoritmický charakter (pozri odsek venovaný genetickému algoritmu), ktorý je nezávislý od materiálnej realizácie. Evolúcia, chápaná ako algoritmus, môže byť aplikovaná na rôznorodé systémy, v ktorých sme schopní identifikovať replikátory a ktorých podstata nemusí byť biologická. Dôvod prečo Dennett zdôrazňoval algoritmický charakter darwinovskej evolúcie, jej univerzálnosť v nezávislosti na materiálnej realizácii replikátorov bol ten, že chcel položiť solídne základy Dawkinsovej memetiky [10], v ktorej bola použitá paradigma Darwinovej evolúcie k vysvetleniu

⁴ Lamarckova evolučná teória [42] je založená na nasledujúcich dvoch postulátoch: (1) Orgány používaním (nepoužívaním) zvyšujú svoju perfektnosť (zanikajú), (2) získané vlastnosti sa prenášajú geneticky z rodičov na potomkov. Takto formulovaná evolučná teória je nepostačujúca na vznik adaptívnych zložitostí, pretože neobsahuje prírodný výber. Predpoklady o rastúcej perfektnosti orgánov častým používaním a o možnosti genetického prenosu získaných vlastností nie sú dostatočne špecifické k tomu, aby vznikali adaptívne zložitosti. Navyše, ako ukazujú simulačné výpočty realizované pomocou modifikovaného genetického algoritmu, aj keď doplníme Lamarckovu evolúciu o prírodný výber, prenos získaných vlastností z rodičov na potomkov zapríčiňuje vznik „unáhlenej“ konvergencie evolúcie, konečné riešenia sú obvykle pomerne vzdialené od globálnych riešení, ktoré sú (ako postuloval už Wright) cieľom darwinovskej evolúcie. Obrazne povedané, Lamarckovská evolúcia je veľmi oportunistická, využíva vždy najbližšie optimálne riešenie, čo môže podstatne negatívne ovplyvniť priebeh evolučnej trajektórie, jej „zamrznutie“ v nejakom lokálnom riešení.

niektorých fenoménov šírenia kultúry. Pretože sa jedná o abiotickú oblasť aplikácie myšlienok Darwinovej evolúcie, považoval Dennett za potrebné najprv sa vyrovnat' s otázkou jej aplikovateľnosti mimo biologické systémy. U nás sa filozofickými aspektmi evolúcie systematicky zaoberá Dušan Gálik [21,22].

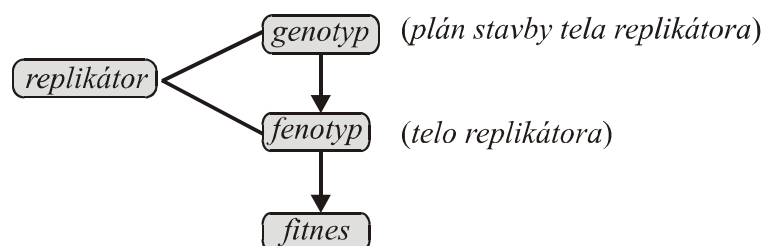
3.5 Darwinovský systém

Najvšeobecnejšia formulácia základnej idey univerzálneho darwinizmu je uskutočnená pomocou koncepcie *darwinovského systému* založeného na nasledujúcich dvoch postulátoch (určité náznaky tejto všeobecnej formulácie už boli vykonané pri popise Hollandovho genetického algoritmu):

(1) *Darwinovský systém sa skladá z populácie replikátorov* – jedincov/objektov, ktoré za určitých vhodných podmienok sú schopné *replikácie* - rozmnožovania. Replikačný proces spočíva v „kopírovaní“ jedincov do populácie, pričom toto „kopírovanie“ sa uskutočňuje s *určitými malými chybami*. Z tohto predpokladu nepresnej replikácie (s malými chybami) vyplýva, že *populácia nie je homogénna*, obsahuje jedincov – replikátory, ktoré vykazujú malú variabilitu.

(2) Každý replikátor populácie je ohodnotený funkciou *fitnes*, ktorá vyjadruje schopnosť replikátora prežiť a úspešne vstupovať do replikačného procesu. *Prírodný výber* v darwinovskom systéme spočíva v tom, že jedinci populácie nie sú vyberaní do replikačného procesu náhodne, ale s *pravdepodobnosťou úmernou ich fitnes* (hovoríme, že výber sa deje kvázi náhodne).

V definícii darwinovského systému sa vyskytuje niekoľko pojmov, ktoré musia byť bližšie objasnené. Pojem „replikátor“ je potrebné chápať ako relatívne samostatnú entitu, ktorá existuje v nejakom prostredí a vytvára spolu s ostatnými replikátormi populáciu. Najjednoduchší prístup k implementácii replikátora je jeho stotožnenie s nejakou informáciou, ktorá kóduje jeho „telo“. Z tohto dôvodu môžeme využívať biologickú terminológiu a rozlišovať dve rôzne špecifikácie replikátora, jeho *genotyp* a *fenotyp*. Genotyp je informácia o architektúre replikátora, zatiaľ čo fenotyp je „telo“ replikátora⁵. Vzťah medzi genotypom a fenotypom nebudeme bližšie špecifikovať, obvykle je silne závislý na typu darwinovského systému. Čo bude pre nás dôležité, je skutočnosť, že *fitnes* replikátora je určený schopnosťou fenotypu prežívať v danom prostredí a vstupovať do výhodných interakcií s inými replikátormi z populácie, pozri obr. 9.



Obr. 9. Replikátor je charakterizovaný tak genotypom, ako aj fenotypom. *Fitnes* replikátora je určený schopnosťou fenotypu prežívať v danom prostredí a vstupovať do výhodných interakcií s inými replikátormi z populácie.

⁵ Podobne, ako vo fyzike mikrosвета, kde častice majú duálny *častico-vlnový* charakter, môžeme aj fenotyp a genotyp chápať ako duálne charakteristiky replikátora. V určitých situáciách pod replikátorom rozumieme jeho genotyp, zatiaľ čo v iných situáciách pod replikátorom myslíme jeho fenotyp.

Proces replikácie jedinca – replikátora je formálne chápaný ako kopírovanie jeho genotypu a vytvorenie nového fenotypu určeného kopírovaným genotypom. To znamená, že fenotyp – organizmus replikátora – môžeme chápať ako nosič (vehikel) genotypu, ktorý umožňuje jeho replikáciu. Pre zjednodušenie našich úvah chápeme proces replikácie len ako kopírovanie genotypu, pričom tento proces kopírovania je „fyzicky“ uskutočnený fenotypom replikátora. Je potrebné poznamenať, že sa jedná o veľmi silnú idealizáciu, ale umožní nám zaviesť pomerne jednoduchú algoritmizáciu univerzálneho darwinizmu (pozri algoritmus 1).

Musíme však podotknúť, že môžu existovať darwinovské systémy, kde odlišenie fenotypu od genotypu neplatí, kde sa genotyp kopíruje – replikuje iným zariadením, ako vlastným fenotypom. Dobrým príkladom tejto situácie sú biologické a počítačové vírusy, ktoré k vlastnej replikácii využívajú systémy v ktorých parazitujú.

Postulujeme, že replikátor je reprezentovaný svojím *genotypom* x , ktorý, ako už bolo poznamenané, obsahuje zakódovanú informáciu o konštrukcii replikátora (pripomeňme si Dawkinsove prirovnanie genotypu k receptu na koláč). *Populácia* replikátorov je množina genotypov

$$P = \{x_1, x_2, \dots, x_p\}$$

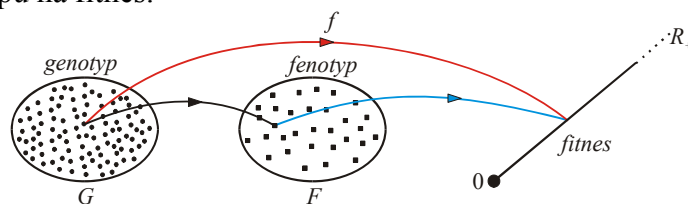
Vzájomný vzťah medzi triádou „genotyp – fenotyp – fitness“ je reprezentovaný postupnosťou dvoch zobrazení (pozri obr. 10)

$$G \xrightarrow{\text{fenotyp}} F \xrightarrow{\text{fitness}} [0, \infty)$$

kde G je množina všetkých genotypov a F je množina všetkých fenotypov. To znamená, že prvotnou veličinou je genotyp, ktorý je zobrazovaný na fenotyp, potom fenotyp je zobrazovaný na fitness (reprezentovaný kladným reálnym číslom). Prvé zobrazenie priradí každému genotypu telo – organizmus, nazývaný fenotyp. V biológii toto zobrazenie predpokladá existenciu procesu nazývaného embryogenéza, t. j. tvorba organizmu zo zárodka – genotypu. Skrátaná forma dvojstupňového zobrazovania má tvar (pozri obr. 10)

$$G \xrightarrow{f} [0, \infty)$$

kde nové zobrazenie f vznikne zložením dvoch zobrazení, zobrazovania genotypu na fenotyp a zobrazovania fenotypu na fitness.



Obr. 10. Znázornenie jednoduchých zobrazení genotypu na fenotyp a fenotypu na fitness, a zloženého zobrazovania genotypu priamo na fitness.

V tejto súvislosti si môžeme položiť otázku, prečo je užitočné explicitne uvažovať fenotyp ako sprostredkovateľa medzi genotypom a fitness. Táto otázka je plne legitímna z pohľadu matematiky, avšak je potrebné poznamenať, že koncepcia fenotypu reprezentuje veľmi efektívnu a plodnú heuristiku⁶ pre interpretáciu univerzálneho darwinizmu. Cieľom evolúcie nie je obvykle požadovaný genotyp, ale fenotyp vykazujúci určité vlastnosti. Z tohto pohľadu môžeme povedať, že darwinovská evolúcia je reprezentovaná postupnosťou

⁶ Heuristika v informatike znamená pravidlo, väčšinou intuitívne zavedené, ktoré poskytuje určitý návod, ako sa správať v zložitom prostredí, ktorého presný model nepoznáme. Tak napríklad, v neznámom lese je veľmi užitočnou heuristikou pravidlo, že sa používajú len označené chodníky. V mnohých prípadoch tieto označené chodníky nereprezentujú optimálnu cestu, ale zabezpečia nám, že sa dostaneme do cieľa.

fenotypov, ktorých vlastnosti sú bližšie a bližšie k vlastnostiam cieľového hypotetického fenotypu.

Fitness replikátora $\mathbf{x} \in P$ je určený dvoma rôznymi prístupmi. Prvý spôsob chápe fitness ako atribút replikátora (vloženého do nejakého prostredia E), interakcie daného replikátora s populáciou sa ignorujú, potom

$$fitness(\mathbf{x}) = F(\mathbf{x}; E)$$

kde prostredie E je chápané ako parameter funkcie, ktorá replikátor \mathbf{x} ohodnotí fitness, táto funkcia je určená len pomocou jeho genotypu (a prípadného vplyvu prostredia). Druhý spôsob určenia fitness je založený na predstave, že táto veličina je dominantne určená len interakciou daného replikátora \mathbf{x} s ostatnými replikátormi v populácii (plus vplyv prostredia E)

$$fitness(\mathbf{x}) = \sum_{\substack{\mathbf{x}' \in P \\ \mathbf{x}' \neq \mathbf{x}}} F(\mathbf{x}, \mathbf{x}'; E)$$

Tento druhý prístup postuluje, že dominantná časť fitness je určená práve interakciou replikátorov v populácii, kde nie je dôležitá architektúra toho-ktorého replikátora (môžeme povedať, že táto prispieva nemennou časťou k fitness). Takto je určené fitness replikátorov v aplikáciách evolučnej teórie hier [2] (napr. pri štúdiu evolučného vzniku kooperácie v populácii). V týchto aplikáciách zahájených Maynard Smithom [39] a Axelrodom [2] už skoro pre 30 rokmi, fitness replikátorov je určený schopnosťou spolupracovať alebo nespôlpracovať s inými replikátormi z populácie, a nie ich vnútornou architektúrou. V tomto prípade funkcia fitness nie je fixne zadaná, ale závisí od zloženia celej populácie. Z tohto pohľadu potom môžeme tento druh evolučnej optimalizácie interpretovať ako tzv. „problém pohyblivého cieľa“, kde povrch fitness funkcie sa dynamicky mení s evolúciou populácie. Problém emergencie sociálnych štruktúr v multiagentových systémoch bude študovaný v sekcii 4.

3.6 Koevolúcia

Teória darwinovskej evolúcie obvykle implicitne predpokladá existenciu jednej populácie, ktorá je predmetom evolúcie uskutočňovanej mechanizmami popísanými vyššie. Existujú však prípady, keď dva rôzne druhy replikátorov medzi sebou silne interagujú (napr. dve populácie rôznych druhov, ktoré sú v symbiotickom vzťahu, jeden druh produkuje látku, ktorá je vitálne dôležitá pre prežitie druhého druhu). V abiotických aplikáciách sú koevolučné modely dôležité pre štúdium rôznych kultúrnych fenoménov.

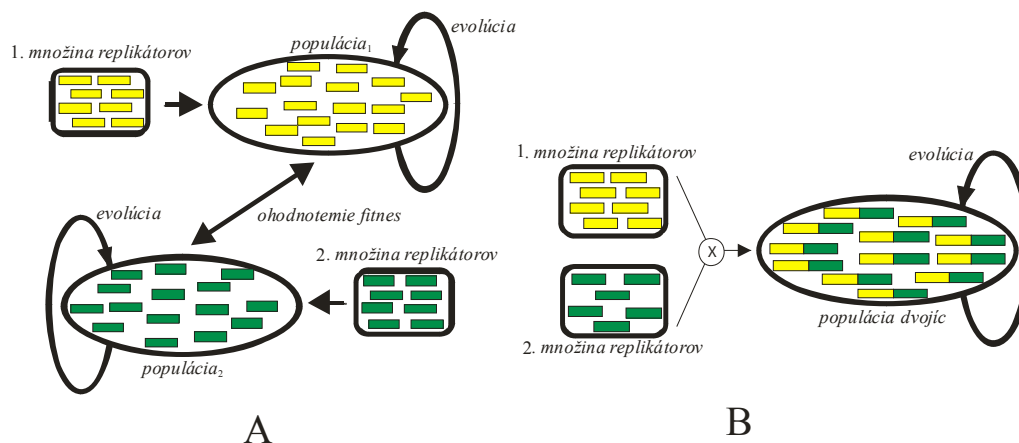
Budeme študovať dva rôzne modely koevolúcie, pozri obrázok 11.

Prvý model (diagram A) vyjadruje tzv. *kompetitívny koevolučný model*, kde existujú dve kvázinezávislé populácie, ktoré sú zložené z replikátorov rôznych druhov. Interakcia medzi týmito rôznymi populácia spočíva vo výpočte fitness replikátorov z jednotlivých populácií, fitness replikátora z prvej populácie je určený nielen jeho zložením (alebo jeho interakciou s ostatnými replikátormi z danej populácie), ale aj jeho interakciou s replikátormi z druhej populácie, napr.

$$fitness(\mathbf{x}) = F_1(\mathbf{x}) + \sum_{\mathbf{y} \in P_2} F_{12}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \quad (\forall \mathbf{x} \in P_1)$$

$$fitness(\mathbf{y}) = F_2(\mathbf{y}) + \sum_{\mathbf{x} \in P_1} F_{21}(\mathbf{y}, \mathbf{x}) \quad (\forall \mathbf{y} \in P_2)$$

Ak obe populácie chápeme ako jeden (ko)evolučný systém, potom evolučná optimalizácia môže byť taktiež interpretovaná ako „problém pohyblivého cieľa“, pretože funkcia fitness sa dynamicky mení s evolúciou populácií.



Obr. 11. Dva rôzne koevolučné modely. Diagram A vyjadruje kompetitívny model koevolúcie obsahujúci dve kvázinezávislé populácie, tieto populácie vzájomne interagujú prostredníctvom výpočtu fitness. Ak počítame fitness replikátorov z jednej populácie, berieme do úvahy aj interakciu s replikátormi z druhej populácie. Diagram B vyjadruje kooperatívny model koevolúcie, v tomto prípade populácia je zložená z dvojíc odlišných replikátorov. Fitness týchto dvojíc je určený jednak ich zložkami a taktiež aj ich vzájomnou interakciou.

Druhý model (obrázok 11, diagram B) sa nazýva *kooperatívny koevolučný model*, v ktorom existuje len jedna populácia, ale táto populácia je zložená z komplexov (usporiadaných dvojíc) replikátorov rôzneho druhu. Tieto komplexy sú chápané ako nezávislé objekty evolúcie, ich fitness je určený napr. takto

$$fitness(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = F_1(\mathbf{x}) + F_2(\mathbf{y}) + G(\mathbf{x}, \mathbf{y})$$

kde funkcie F_1 a F_2 určujú fitness jednotlivých zložiek komplexu, funkcia G špecifikuje príspevok k fitness na základe interakcie medzi zložkami komplexu. Tento model sa používa vtedy, keď jednotlivé komponenty neexistujú nezávislé, sú na sebe silne závislé. Ako pekný ilustračný príklad pre kooperatívnu koevolúciu môže slúžiť „kultúrna“ aplikácia [36] zaoberajúca sa koevolúciou génov a mémov.

3.7 Eigenova a Schustrova teória molekulárneho darwinizmu

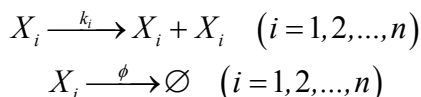
Eigenova a Schustrova teória molekulárneho darwinizmu [13,14] postihuje elementárne aspekty evolúcie na úrovni biomakromolekúl. Tento model evolúcie poskytuje semikvantitatívnu teóriu, ktorá je schopná interpretovať mnohé pojmy a fenomény evolúcie, ako napr. úlohu neutrálnych mutácií v priebehu adaptačného procesu. Dôležitú úlohu v našom prístupe hrajú metódy *umelej chémie* [3,12,16-20,23, 32-36], ktorá je v súčasnosti považovaná za oblasť úzko súvisiacu s umelým životom. Tento prístup je založený na metafore chemostatu (chemického reaktora), ktorý obsahuje "molekuly" reprezentované abstraktnými objektmi (reťazcami znakov, grafmi, formulami z nejakého jazyka, atď.). Molekuly sú v chemostate transformované pomocou "chemických reakcií" na iné prípustné objekty, pričom pravdepodobnosť týchto transformácií je striktno určená štruktúrou reagujúcich objektov. Kinetika procesov prebiehajúcich v chemostate je popísaná Eigenovými replikátorovými diferenciálnymi rovnicami, ktoré majú svoj „zdravý“ základ vo fyzikálnej chémii (zákon účinných hmotností [1]). Hlavným predmetom záujmu umelej chémie je (i) štúdium formálnych systémov založených na metafore chemostatu, ktoré sú schopné vykonávať špeciálne vysoko paralelné výpočty a (ii) návrh formálne autokatalytických systémov (molekuly sú reprezentované štruktúrovanými objektmi) pre účely *in-silico* simulácií emergencie "živých" systémov.

V súčasnosti je molekulárna evolúcia teoreticky študovaná pomocou "fyzikálneho" modelu RNA a jej foldingu [16-20,45-46]. Pre úplnosť je potrebné poznamenať, že existujú aj iné modely molekulárnej evolúcie [43], menovite pripomenieme tie, ktoré sú založené na stochastickej Kauffmanovej KN funkcii [27,28], ktoré sú veľmi všeobecné a poskytujú podobné výsledky ako metódy založené na RNA foldingu. Ukážeme, že použitie tohto jednoduchého modelu povrchu fitness pomocou RNA foldingu poskytuje výsledky, ktoré sú formálne veľmi blízke tým, ktoré sú predpovedané replikátorovými diferenciálnymi rovnicami, ktoré boli postulované už pred viac ako 30 rokmi Eigenom [13] ako odozva na Spiegelmanove *in-vitro* experimenty [47] s evolúciou RNA molekuly⁷.

3.7.1 Eigenove replikátory

Na prelome 60. a 70. rokov publikoval Manfred Eigen významnú prácu "*Self organization of matter and the evolution of biological macro molecules*" [13], v ktorej študoval vlastnosti chemického systému zloženého z tzv. *replikátorov* (priamo v texte tejto práce uvádza, že bol stimulovaný k jej napísaniu Spiegelmanovými [47] experimentmi *in-vitro* darwinovskej evolúcie). Replikátory sú hypotetické biomakromolekuly, ktoré majú schopnosť replikovať sa. Eigen ukázal, že takýto jednoduchý chemicko-kinetický systém formálne simuluje darwinovskú evolúciu na molekulárnej úrovni. Ďalšie zovšeobecnenie modelu replikátorov bolo vykonané Eigenom a Schusterom [14] v sérii prác so spoločným názvom "*The Hypercycles: A Principle of Natural Evolution*", v ktorých sa položili základy teórie *hypercyklov*, ktoré sú v súčasnosti považované za jeden z nemnohých formálnych systémov schopných simulovať nárast zložitosti (komplexity) na rozhraní živých a neživých systémov.

Študujme molekuly - replikátory X_1, X_2, \dots, X_n , ktoré sú schopné nasledujúcich dvoch chemických reakcií



Prvá reakcia znamená, že molekula X_i sa replikuje s rýchlostnou konštantou k_i a druhá reakcia znamená, že molekula X_i zaniká s rýchlostnou konštantou ϕ (ktorá sa nazýva *zried'ovací tok* a bude špecifikovaná neskoršie). Ak použijeme k týmto reakciám štandardný fyzikálno-chemický zákon účinných hmotností [1], dynamika kinetického systému obsahujúceho obe reakcie je určená diferenciálnymi rovnicami

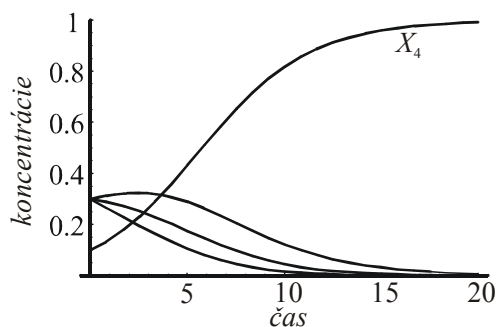
$$\dot{x}_i = x_i (k_i - \phi) \quad (i=1,2,\dots,n)$$

kde $0 \leq x_i \leq 1$ je koncentrácia molekuly X_i . Zried'ovací tok ϕ je chápaný ako "voľný parameter", ktorý sa nastaví tak, aby suma časových derivácií koncentrácií bola nulová, $\sum \dot{x}_i = 0$

$$\dot{x}_i = x_i \left(k_i - \sum_{j=1}^n k_j x_j \right) \quad (i=1,2,\dots,n)$$

kde podmienka $\sum x_i = 1$ bola použitá bez straty všeobecnosti našich úvah.

⁷ Pozri prednášku E. Tomáška a J. Noseka [52] na seminári Kognitívne vedy III (CogSci2000), CHTF STU, Bratislava. Text prednášky je dostupný na http://math.chtf.stuba.sk/CogSci_2000.htm.

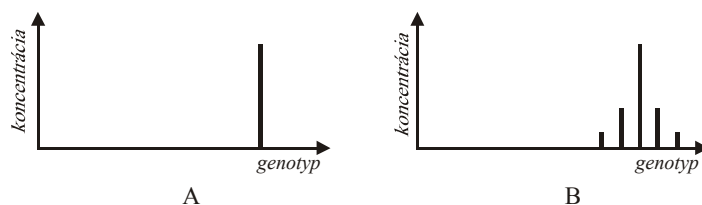


Obr. 12. Časový priebeh koncentrácií 4-zložkového systému s rýchlostnými konštantami $k_1=1$, $k_2=2$, $k_3=3$ a $k_4=4$. Molekuly X_4 víťazia, aj keď ich počiatočná koncentrácia bola najmenšia, v čase $t > 15$ systém už obsahuje skoro výlučne len molekuly X_4 , ostatné vymizli.

Riešenie tohto systému diferenciálnych rovníc vyhovuje asymptotickej podmienke, kde "preživa" len tá molekula, ktorá má maximálnu rýchlostnú konštantu k_{max} , zatiaľ čo ostatné molekuly vymiznú

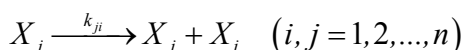
$$\lim_{t \rightarrow \infty} x_i(t) = \begin{cases} 1 & (\text{pre } k_i = k_{max} = \max\{k_1, \dots, k_n\}) \\ 0 & (\text{ostatné prípady}) \end{cases}$$

Každý typ molekuly je formálne chápaný ako zvláštny biologický druh s fitness špecifikovanou rýchlostnou konštantou k , potom prežívajú len tie molekuly - biologické druhy, ktoré sú najlepšie prispôsobené, t.j. majú najväčšiu rýchlostnú konštantu k_{max} ; všetky ostatné molekuly - druhy s rýchlostnými konštantami - fitness menšími než ako k_{max} vymiznú v priebehu časovej evolúcie chemicko-kinetického systému, pozri obr. 12. Podmienka konštantnosti sumy koncentrácie (t.j. $\sum x_i = 1$) zavádza do systému dodatočný "selekčný tlak", replikujúce sa molekuly eliminujú ostatné molekuly.



Obr. 13. Diagram A znázorňuje asymptotickú situáciu $t \rightarrow \infty$ pre systém replikátorov bez mutácií, ktoré sa presne replikujú. V tomto prípade asymptoticky stabilný stav systému obsahuje len replikátory s maximálnou rýchlostnou konštantou k_{max} . Diagram B znázorňuje asymptoticky stabilný stav systému, kde replikácia nie je presný proces, kde sa už uvažujú mutácie pri replikačnom procese. Stabilný stav je zložený z niekoľkých replikátorov, pričom najväčšia koncentrácia prislúcha replikátoru s maximálnou rýchlostnou konštantou k_{max} , ostatné replikátory sa vyskytujú s podstatne menšou koncentráciou. Replikátory vyskytujúce sa súčasne s hlavným víťazom X_{max} sú tie, ktoré sú mu blízke a sú z neho tvorené mutáciami.

Pôvodná forma Eigenovho modelu replikátorov neobsahovala mutácie, replikácia molekúl bol presný proces, pri replikácii molekuly X_i vznikala len táto molekula a žiadna iná sa týmto replikačným procesom nevytvárala. Eigen jednoducho modifikoval svoj model tak, že obsahoval už aj mutácie



kde k_{ji} je rýchlostná konštantka tejto reakcie, pričom sa predpokladá, že matica rýchlostných konštant $\mathbf{K} = (k_{ij})$ má dominantné diagonálne elementy, t.j. nediagonálne elementy sú podstatne (rádovo) menšie ako diagonálne elementy ($k_{ij} \ll k_{ii}$, pre $i, j = 1, 2, \dots, n$ a $i \neq j$). Tento dôležitý predpoklad vyplýva priamo zo skutočnosti, že "nepresné" replikácie pre $i \neq j$ sú

veľmi vzácne, t.j. produkt X_j je uvažovaný ako mutácia eduktu X_i , $X_j = O_{mut}(X_i)$. Systém diferenciálnych rovníc popisujúci dynamické vlastnosti takto modifikovaného systému replikátorov má tvar

$$\dot{x}_i = x_i(k_{ii} - \phi) + \sum_{j \neq i} k_{ji} x_j \quad (i = 1, 2, \dots, n)$$

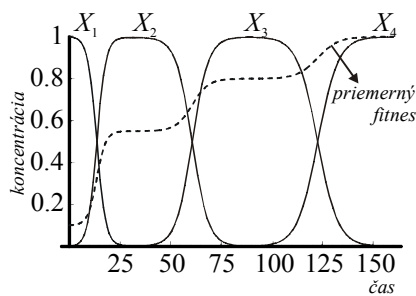
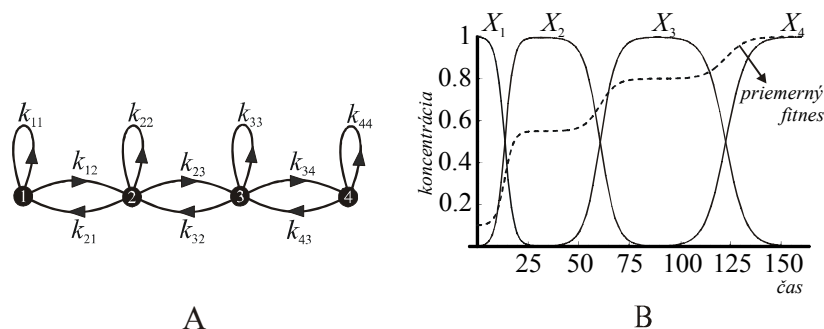
Zried'ovací tok ϕ je určený tak, aby aj v tomto všeobecnejšom prípade suma časových derivácií koncentrácií bola nulová ($\sum \dot{x}_i = 0$, alebo $\sum x_i = 1$)

$$\phi = \sum_{i,j=1}^n k_{ij} x_j$$

Zavedenie slabých mutácií nemení dramaticky všeobecné vlastnosti pôvodného jednoduchého systému replikátorov bez mutácií. Menovite, v asymptotickom čase $t \rightarrow \infty$ systém obsahuje skoro výlučne len molekuly majúce najväčšie rýchlostné konštanty k_{max} , ktoré sú vzácne sprevádzané inými replikátormi tvorenými z víťazného replikátora (s rýchlostnou konštantou k_{max}) pomocou nepresného replikačného procesu, pozri obrázok 13.

3.7.2 Replikátory a molekulová Darwinova evolúcia

Eigenov systém replikátorov s mutáciou (t.j. replikácie s chybami) je vhodným prostriedkom na simuláciu *molekulárnej Darwinovej evolúcie*. Študujme hypoteticky reakčný systém obsahujúci postupnosť n replikátorov $X_1, X_2, X_3, \dots, X_n$. Tieto replikátory vyhovujú podmienkam, že X_i môže produkovať pomocou chybných replikácií susedné replikátory $X_{i \pm 1}$, pozri obrázok 14, diagram A. Ak chemostat v čase $t=0$ obsahuje len replikátor X_1 , $x_1(0)=1$, potom v priebehu evolúcie existujú koncentračné vlny, ktoré sú postupne priradené replikátorom X_2, X_3, \dots, X_n , pozri obrázok 14, diagram B. Táto skutočnosť je interpretovaná ako prejav molekulovej Darwinovej evolúcie, kde fitness jednotlivých „druhov“ sú špecifikované diagonálnymi rýchlostnými konštantami k_{ii} . Evolučný proces bol naštartovaný čistou populáciou obsahujúcou len X_1 . Pretože jeho replikácia nie je perfektná, príležitostne môže vzniknúť nasledujúci replikátor X_2 (špecifikovaný rýchlostnou konštantou k_{12}), ktorý má väčší fitness ako jeho predchodca X_1 ($k_{11} < k_{22}$). To znamená, že v tejto etape evolúcie "druh" X_2 zvíťazí (t.j. jeho koncentrácia sa postupne zvýši skoro na jednotkovú hodnotu, zatiaľ čo koncentrácia predchodcu sa asymptoticky blíži k nulovej hodnote. Tento proces sa opakuje pre replikátor X_2 , ktorý je teraz chápaný ako počiatočný replikátor (hrá rovnakú úlohu ako replikátor X_1 v predchádzajúcej etape). Pretože replikácia X_2 nie je taktiež perfektná, s malou pravdepodobnosťou vzniká aj nový „druh“ X_3 , ktorý má väčší fitness ako jeho predchodca X_2 ($k_{33} > k_{22}$), t.j. tento nový "druh" X_3 zvíťazí. Tento postupný proces je ukončený, keď sa začne objavovať posledný replikátor X_n ako dôsledok neperfektných mutácií predchodcu X_{n-1} , v záverečnej etape evolúcie sa zvýši koncentrácia tohto finálneho produktu na jednotkovú hodnotu ako dôsledok jeho autoreplikácie.



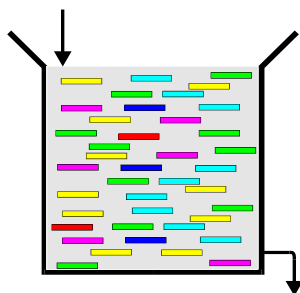
Obr. 14. Diagram (A) reprezentuje 4-replikátorový systém, kde replikátor X_i vytvára pomocou replikácie s chybami susedné replikátory X_{i-1} a X_{i+1} . Orientované hrany diagramu sú ohodnotené rýchlostnými konštantami, pričom diagonálne rýchlostné konštanty sú medzi sebou dobre separované a o mnoho väčšie ako nediagonálne rýchlostné konštanty. Diagram (B) znázorňuje koncentračné profily replikátorov, ktoré tvoria postupnosť koncentračných vln. Diagram taktiež obsahuje priebeh priemerného fitness, ktorý je špecifikovaný $\bar{k} = k_{11}x_1 + \dots + k_{44}x_4$, tvorí neklesajúcu skokovú funkciu, ktorá je typická pre Darwinovu evolúciu.

Sumarizujúc naše výsledky, môžeme konštatovať, že Eigenov systém replikátorov simuluje Darwinovu evolúciu vtedy, keď (1) diagonálne rýchlostné konštanty sú navzájom dobre separované a (2) suma „vychádzajúcich“ rýchlostných konštant musí byť podstatne menšia ako suma vchádzajúcich rýchlostných konštant. Táto druhá podmienka znamená, že „pravdepodobnosť“ vzniku daného replikátora zo susedných replikátorov ako dôsledok ich nepresných replikácií je o mnoho väčšia než „pravdepodobnosť“ zániku daného replikátora v dôsledku jeho nepresnej replikácie.

3.7.3 Metafora chemického reaktoru - chemostat

Uvažujme chemický reaktor - *chemostat*, ktorý obsahuje formálne objekty nazývané „molekuly“, ktoré sú reprezentované reťazcami znakov. Chemostat nie je priestorovo štruktúrovaný, v chémii sa hovorí, že je s dobrým miešaním (well stirred reactor), pozri obr. 15. Akt chemickej reakcie - replikácie spočíva v nasledujúcich troch krokoch:

- (1) náhodný výber replikátora M (ktorý je totožný s X_i) z chemostatu,
- (2) pre takto vybraný replikátor sa uskutoční s pravdepodobnosťou úmernou rýchlostnej konštante k_{ii} proces replikácie, pričom vznik chybného replikátora M' (ktorý je totožný s X_j) je uskutočnený s pravdepodobnosťou úmernou rýchlostnej konštante k_{ij} .
- (3) Vzniknutým novým replikátorom M' (bez mutácie alebo s mutáciou) sa nahradí iný náhodne vybraný replikátor z chemostatu (t.j. vo všetkých elementárnych krokoch máme v chemostate konštantný počet replikátorov).



Obr. 15. Chemostat obsahuje "zmes" molekúl – replikátorov. Replikačný akt spočíva v tom, že náhodne vybraná molekula sa zreplikuje (buď perfektne alebo s malou mutáciou), vzniknutý produkt – molekula vytesní inú náhodne vybranú molekulu (chemostat obsahuje v celej svojej histórii konštantný počet molekúl).

Počítačová simulácia chemostatu a v ňom prebiehajúce replikačné reakcie sa dá pomerne jednoducho algoritmizovať pomocou stochastického prístupu [23]. Tento prístup je založený na skutočnosti, že ak náhodne vyberieme z chemostatu nejaký replikátor, potom pravdepodobnosť toho, že tento replikátor je totožný s nejakým daným replikátorom X sa jednoducho rovná koncentrácii tohto replikátora v chemostate, $0 \leq c(X) \leq 1$. Pravdepodobnosť uskutočnenia replikácie sa rieši tak, že táto pravdepodobnosť je úmerná

replikačnej rýchlostnej konštante. Algoritmicky môžeme chemostat implementovať pomocou pseudo-Pascalu týmto jednoduchým algoritmom:

Algoritmus 2.

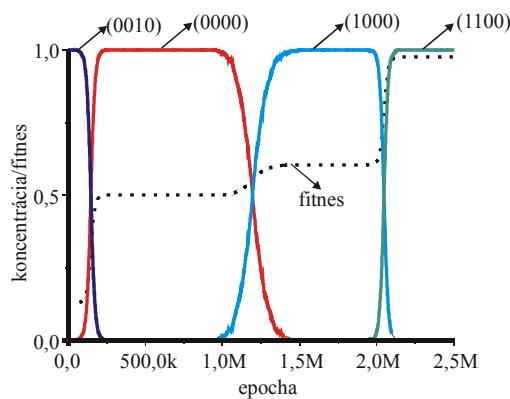
```

chemostat:=náhodne vygenerovaná množina replikátorov;
t:=0;
while t<tmax then
begin
t:=t+1;
X:=Oselect(chemostat);
if random<probrep(X) then
begin
X':=Omut(X);
X'':=Oselect(chemostat);
chemostat:=(chemostat+{X'})-{X''};
end;
end;
end;

```

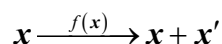
Algoritmus je inicializovaný náhodným vygenerovaním chemostatu. Pravdepodobnosť $\text{prob}_{\text{rep}}(X)$ je určená tak, že je úmerná rýchlostnej konštante replikácie X , pravdepodobnosť mutácie je zahrnutá priamo v operátore $O_{\text{mut}}(X')$.

Všeobecné idey chemostatu budú ilustrované jeho použitím ako optimalizátora binárnej funkcie $f : \{0,1\}^n \rightarrow [0,1]$, ktorá zobrazuje binárne reťazce $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ dĺžky n na reálne čísla z intervalu $(0,1)$. Naším cieľom bude nájsť optimálne riešenie \mathbf{x}_{opt} , ktoré maximalizuje binárnu funkciu f nad množinou všetkých možných binárnych reťazcov dĺžky n .



Obr. 16. Priebeh frekvencií výskytu dominantných binárnych reťazcov (16) dĺžky 4. Chemostat bol inicializovaný 1000 reťazcami (0010), po 2.5×10^6 časových krokoch dominantným konečným riešením je reťazec $\mathbf{x}_{\text{fin}}=(1100)$, kde $\text{real}(\mathbf{x}_{\text{opt}})=12/15$ a $f(12/15)=0.9755$. Toto konečné riešenie je blízke optimálnemu riešeniu $\mathbf{x}_{\text{opt}}=(1011)$, kde $(\mathbf{x}_{\text{opt}})=11/15$ a $f(11/15)=0.9973$, ale s „veľkou“ Hammingovou vzdialenosťou $d=3$ (v genetickom algoritme tento efekt sa nazýva „Hammingov útes“). Táto relatívne veľká Hammingova vzdialenosť je hlavný dôvod prečo replikátorový algoritmus nie je schopný poskytnúť globálne riešenie (1011).

Nech chemostat obsahuje molekuly, ktoré sú realizované binárnymi reťazcami $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)$. Uvažujme nasledujúcu monomolekulárnu reakciu – replikáciu



pričom molekula - reaktant \mathbf{x}' nahradí náhodne vybranú molekulu z chemostatu. Funkčná hodnota $f(\mathbf{x})$ priradená chemickej reakcii je interpretovaná ako pravdepodobnosť (rýchlostná konštanta) replikácie. Podobne ako v genetickom algoritme, selekčný tlak v chemostate je

vytvorený pomocou fitness (rýchlostné konštanty), replikátory s väčším fitness majú väčšiu šancu zúčastňovať sa reprodukčného procesu (miera kvality replikátorov), a naopak, replikátory s malým fitness len vzácné vstupujú do reprodukčného procesu. Tento jednoduchý prejav princípu Darwinovho prirodzeného výberu zabezpečuje postupnú monotónne neklesajúcu gradáciu fitness v priebehu evolúcie populácie. V tomto prístupe založenom na metafore chemostatu, princíp prírodného výberu na základe fitness je rozšírený o dodatočný selekčný tlak založený na skutočnosti, že populácia v chemostate má konštantný počet jedincov. Molekula vstupujúca do reakcie je náhodne vybraná z chemostatu, kvázi náhodne je rozhodnuté, či vstupuje do reakcie alebo nie (s pravdepodobnosťou úmernou jej funkčnej hodnote), vzniknutá molekula vytesní z chemostatu inú, náhodne vybranú molekulu. Produkt \mathbf{x}' je mutácia vstupujúcej molekuly \mathbf{x} , $\mathbf{x}' = O_{mut}(\mathbf{x})$, kde O_{mut} je stochastický operátor mutácie, ktorý zmení jednotlivý bit s pravdepodobnosťou P_{mut} . Pseudo-Pascalovský kód tohto optimalizačného algoritmu dostaneme jednoduchou modifikáciou Algoritmu 2.

Ako ilustračný príklad študujme chemostat pre unimodálnu funkciu určenú nad binárnymi reťazcami dĺžky 4, chemostat je množina $P = \{..., (1100), ...\} \subset \{0,1\}^4$. Každý binárny vektor \mathbf{x} je ohodnotený racionálnym číslom z intervalu $\langle 0,1 \rangle$

$$real(\mathbf{x}) = \frac{1}{2^4 - 1} int(\mathbf{x})$$

kde $int(\mathbf{x})$ je nezáporné celé číslo vyjadrujúce dekadickú interpretáciu binárneho reťazca \mathbf{x} . Rýchlostná konštanta k priradená reťazcu

$$k(\mathbf{x}) = f(real(\mathbf{x})) = \frac{1}{2}(1 + \sin(2\pi \cdot real(\mathbf{x})))$$

s optimálnym riešením $\mathbf{x}_{opt}=(1011)$, kde $real(\mathbf{x})=11/15$ and $f(11/15)=0.9973$. Chemostat bol inicializovaný 1000 binárnymi reťazcami (0010), mutačný operátor O_{mut} je špecifikovaný 1-bitovou pravdepodobnosťou $P_{mut}=0.01$. Z numerických výsledkov znázornených na obrázku 16 vyplýva, že v chemostate spontánne emerguje binárny reťazec, ktorý je blízky k optimálnemu riešeniu.

Z tohto ilustračného príkladu vyplýva, že metafora Eigenových replikátorov poskytuje efektívny *replikátorový optimalizačný algoritmus*, ktorý je veľmi podobný štandardnému genetickému algoritmu [15,25,37], avšak je založený na úplne odlišnej metafore ako GA, metafora darwinovskej evolúcie v GA je nahradená metaforou chemostatu replikátorov. Môžeme teda na záver tejto kapitoly konštatovať, že ***Eigenova fenomenologická teória replikátorov tvorí vhodný teoretický rámec pre počítačové simulačné štúdiá molekulárnej darwinovskej evolúcie*** (t.j. biomakromolekúl, ako sú RNA alebo DNA, ktoré sú schopné replikačných procesov).

3.7.4 Folding (skladanie) binárnych reťazcov

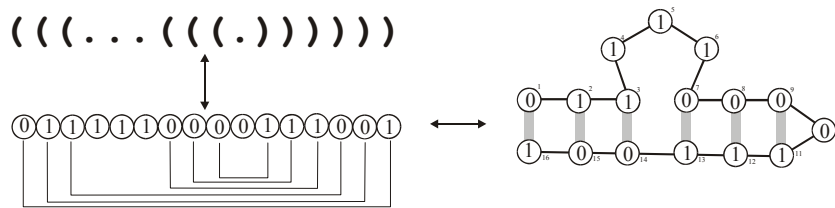
Na základe analógie s RNA molekulami zavedieme tzv. folding (sekundárnu štruktúru) aj pre binárne reťazce (pozri obrázok 17), kde úlohu komplementárnych báz hrajú dvojice 0 a 1. Folding binárneho reťazca je špecifikovaný ako zoznam spárovaných binárnych komplementárnych báz $i-j$ (pre $i < j$) a nespárovaných jedincov k

$$folding(\mathbf{x}) = \{i_1 - j_1, i_2 - j_2, \dots, i_p - j_p; k_1, k_2, \dots, k_q\}$$

kde jednotlivé páry sú ohraničené nasledujúcimi dvoma podmienkami:

(1) pre pár $i-j$ platí $j - i \geq 2$,

(2) pre dva páry $i-j$ a $k-l$, kde $i \leq k$, platí $i = k \Leftrightarrow j = l$ alebo $k < j \Rightarrow i < k < l < j$.



Obr. 17. Binárny reťazec môže byť poskladaný do 2-rozmernej štruktúry (je nazývaná sekundárna štruktúra) takým spôsobom, že komplementárne binárne dvojice sú navzájom spojené. Zátvorková reprezentácia foldingu je ukázaná v hornej časti obrázku, pričom bodky sú priradené neinteragujúcim elementom reťazca a zátvorky '(' a ')' sú priradené interagujúcim elementom.

Prvá podmienka znamená, že minimálna dĺžka tzv. „*vlasovej sponky*“ v každom foldingu musí byť aspoň 2 (pozri pravú stranu sekundárnej štruktúry na obrázku 17). Ináč povedané, jednotlivé väzby – hrany nemôžu byť ohnuté, prípustná je len rotácia dvoch susedných väzieb okolo rovnakého vrcholu. Z druhej podmienky vyplýva, že každý element reťazca sa môže podieľať maximálne na jednej väzbe, alebo, že tzv. „*pseudouzly*“ sú zakázané (t.j. každý folding sa dá vyjadriť rovinným grafom, kde sa jednotlivé hrany – väzby nepretínajú). Definícia foldingu má ešte podmienku, že obsahuje maximálny možný počet dvojíc s komplementárnymi bázami; táto podmienka odráža fyzikálny význam foldingu, ako najstabilnejšej sekundárnej štruktúry. Podmienky (1-2) sú veľmi dôležité, pretože umožňujú použitie rýchleho algoritmu dynamického programovania [50] pre konštrukciu foldingu, založeného na predpoklade, že hľadanie foldingu je úloha rozložiteľná na menšie podúlohy, ktoré sú použiteľné aj pre konštrukciu riešení väčších podúloh.

Ako už bolo poznamenané, konštrukcia foldingu binárnych reťazcov bude uskutočnená pomocou metódy dynamického programovania [50]. Vo všeobecnosti, túto konštrukciu by sme mohli uskutočniť aj jednoduchým algoritmom spätného prehľadávania, avšak jeho časová náročnosť rastie exponenciálne s dĺžkou reťazca, čo sa pokladá v informatike za málo efektívny algoritmus. K tomu, aby sa zvýšila efektívnosť spätného prehľadávania, zaznamenávajú sa optimálne výsledky pre menšie podreťazce a tieto sa využívajú pre konštrukciu foldingu väčších podreťazcov, tento rekurentný proces je ukončený vtedy, keď dosiahneme celý reťazec, ktorého folding sme hľadali. Táto jednoduchá modifikácia spätného prehľadávania sa nazýva v informatike dynamické programovanie, je použiteľná však len vtedy, keď riešená úloha je rozložiteľná na menšie podúlohy, z ktorých môžeme skladať väčšie podúlohy. Časová náročnosť konštrukcie foldingu pomocou dynamického programovania je n^3 , t.j. exponenciálna zložitosť je zredukovaná na kubickú zložitosť.

Ukážeme elementárnu formuláciu algoritmu na konštrukciu foldingu binárnych reťazcov. Nech S_{ij} je podreťazec zátvorkovej reprezentácie, ktorý je priradený foldingu medzi uzlami i a j (včítane), tieto podreťazce sú inicializované $S_{ii} = '.'$ alebo $S_{i,i+1} = '..'$. Nasledujúce elementy S_{ij} , pre $j-i \geq 2$, sú rekurentne zostrojené pomocou formuly

$$S_{i,j} = \max_{i \leq k \leq j-1} S_{ik} \oplus S_{k+1,j}$$

kde symbol \oplus reprezentuje spojenie podreťazcov S_{ik} a $S_{k+1,j}$, ktoré už boli zostrojené v predchádzajúcich krokoch algoritmu (pozri Algoritmus 3). Ak S_{ik} ($S_{k+1,j}$) obsahuje v pravej (ľavej) krajnej polohe symbol '.', pričom oba tieto symboly sú priradené dvojici komplementárných binárnych elementov reťazca, potom tieto symboly sú nahradené symbolmi '(' a ')'. Symbol „*max*“ znamená, že vyberieme taký index k , ktorý produkuje maximálne párovanie v S_{ij} . Výsledný folding v zátvorkovej reprezentácii je umiestnený v elemente S_{1n} .

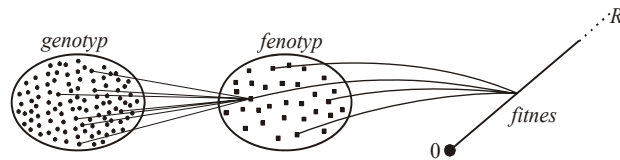
Algoritmus 3

```

for i:=1 to n S[i,i]:= '.';
for i:=1 to n-1 do S[i,i+1]:= '..';
for d:=2 to n-1 do
for i:=1 to n-d do
begin j:=d+i;
      S[i,j]:=max{i≤k≤j-1,S[i,k]⊕S[k+1,j]};
end;
folding:=S[1,n];

```

Základný problém pri implementácii tohto algoritmu spočíva v tom, že takto špecifikovaný algoritmus zostrojí len jeden folding z mnohých možných. Z týchto dôvodov algoritmus musí byť charakterizovaný ako nejaká aktuálna „embryogenéza“ fenotypu z daného genotypu a tiež aj ako integrálna časť ohodnocovania genotypu fitness. Všetky možné foldings pre reťazce dĺžky $n=7$ sú uvedené v Tabuľke 1.



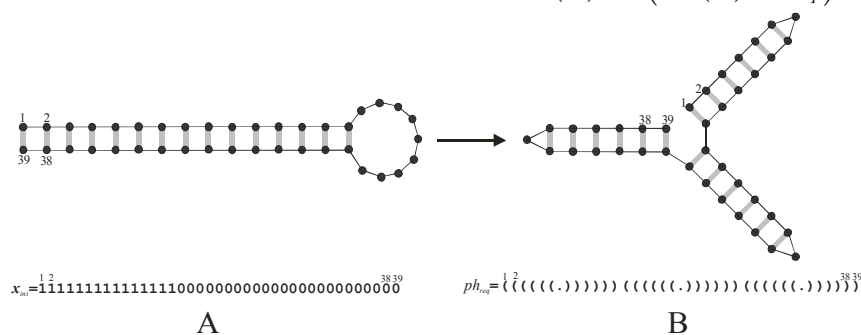
Obr. 18. Schematické znázornenie zobrazení genotypu na fenotyp a fenotypu na fitness pre prípad binárnych reťazcov. Obe zobrazenia sú typu mnoho-na-jeden, t.j. existuje silná redundancia v kódovaní fenotypu pomocou genotypu a v kódovaní fitness pomocou fenotypu. Táto vlastnosť redundancie je dôležitý predpoklad pre existenciu neutrálnych etáp darwinovskej evolúcie, v ktorých je fitness konštantný.

Tabuľka 1. Všetky možné genotypy reprezentované binárnymi reťazcami dĺžky $n=7$ a im priradené fenotypy (foldings) s hodnotami fitness

No.	Genotyp	fenotyp	fitness
1	(0000000) (1111111)	1
2	(0000001) (0000100) (1111011) (1111110)(.)	1
3	(0000010) (1111101)	...(.).	0
4	(0000011) (0001001) (0001101) (0010010) (0010110) (0011000) (0011100) (0100011) (0100111) (0101001) (0110010) (0110110) (0111000) (0111100) (1000011) (1000111) (1001001) (1001101) (1010110) (1011000) (1011100) (1100011) (1100111) (1101001) (1101101) (1110010) (1110110) (1111100)	..((.))	0
5	(0000101) (0010001) (0101100) (0101110) (0110000) (0111010) (1000101) (1001111) (1010001) (1010011) (1101110) (1111010)	.((.))	3
6	(0000110) (0011010) (1100101) (1111001)	.((.)).	5
7	(0000111) (0001111) (0010011) (0011011) (0100101) (0101101) (0110001) (0111001) (1000110) (1001110) (1010010) (1011010) (1100100) (1101100) (1110000) (1111000)	(((.)))	7
8	(0001000) (1110111)	...(..)	0
9	(0001010) (1110101)	((.)).	0
	(0001011) (0001100) (0001110) (0011001) (0011110) (0100001) (0100100) (0100110) (0110011) (0110100)	.(.)(.)	0

10	(1001011)(1001100)(1011001)(1011011)(1011110) (1100001)(1100110)(1110001)(1110011)(1110100)		
11	(0010000)(1101111)	..(...)	1
12	(0010100)(0111011)(0111110)(1000001)(1000100) (1101011)	(.) . (.)	1
13	(0010101)(0101010)(1010101)(1101010)	. ((.))	1
14	(0010111)(0011101)(0100010)(0101000)(1010111) (1011101)(1100010)(1101000)	. (. (.))	0
15	(0011111)(1100000)	((.))..	0
16	(0100000)(1011111)	. (...)	1
17	(0101011)(1010100)	(.)(.)	0
18	(0101111)(1010000)	(.)(.)(.)	5
19	(0110101)(0110111)(1001000)(1001010)	(.)(.)(.)	0
20	(0111101)(1000010)	(.)(.)(.)	3
21	(0111111)(1000000)	(.....)	3

Koncepcia foldingu umožňuje zaviesť aj triedu základných pojmov evolučnej biológie: *genotyp*, *fenotyp*, a *fitnes*. Genotyp x je reprezentovaný binárnym reťazcom dĺžky n , $x = (x_1 x_2 \dots x_n) \in \{0, 1\}^n$, fenotyp $ph(x)$ je určený foldingom reťazca x ; formálne, fenotyp môže byť vyjadrený pomocou zátvorkovej reprezentácie, $ph(x) = fold(x) \in \{(.), .\}^n$. Fitnes je reprezentovaný kladným reálnym číslom, je atribútom genotypu x , jeho ohodnotenie fitnes je realizované pomocou pridruženého fenotypu. Pre naše nasledujúce úvahy fitnes bude špecifikovaný pomocou podobnosti medzi fenotypom $ph(x)$ a ad-hoc cieľovým fenotypom ph_{req} . Postulujeme, že maximálny fitnes rovný n je dosiahnutý vtedy, ak podobnosť medzi fenotypom $ph(x)$ a požadovaným fenotypom ph_{req} je maximálna (t.j. hľadáme taký cieľový genotyp x pre ktorý platí $ph(x) = ph_{req}$). V opačnom prípade, ak platí $s(ph(x), ph_{req}) < n \Leftrightarrow ph(x) \neq ph_{req}$, potom fitnes je menšie ako n ; v limitnom prípade; keď foldings sú úplne odlišné (t.j. $s(ph(x), ph_{req}) = 0$), potom fitnes je nulový, $fitnes(x) = 0$. Presná definícia pojmu podobnosti je uskutočnená v našej práci venovanej molekulárnej evolúcii [35]. Tabuľka 1 obsahuje ilustratívne výsledky pre binárne reťazce dĺžky $n=7$ a im pridružené fenotypy – foldings. Z týchto výsledkov vyplýva, že mnoho binárných reťazcov je ohodnotených jedným fenotypom, a podobne, mnoho fenotypov je ohodnotených rovnakým fitnes. Toto jednoduché pozorovanie zovšeobecníme tak, že zobrazenia genotypu na fenotypu a fenotypu na fitnes sú typu mnoho-na-jeden, t.j. tieto zobrazenia majú mohutnú redundanciu⁸ (pozri obrázok 18). Fitnes fenotypov je určený pomocou podobnosti, $fitnes(x) = s(ph(x), ph_{req})$.



Obr. 19. (A) Počiatočný binárny reťazec x_{ini} vyjadrený binárnym reťazcom dĺžky 39, v hornej časti diagramu je taktiež uvedený folding – fenotyp tohto reťazca. (B) Cieľový fenotyp pre genotypy vyjadrené binárnymi reťazcami dĺžky $n=39$. V dolnej časti obrázku je uvedená zátvorková reprezentácia fenotypu. Fenotyp „vrtuľa“

⁸ Redundantnosť zobrazenia genotypu na fenotyp znamená, že daný obraz – fenotyp má mnoho rôznych argumentov - genotypov, alebo ináč povedané, spôsob kódovania fenotypu je vysoko redundantný - nadbytočný. V opačnom prípade hovoríme, že zobrazenie $y=f(x)$ nie je redundantné, ak každému obrazu y existuje len jeden argument x , t.j. ak zobrazenie je 1-1-značné.

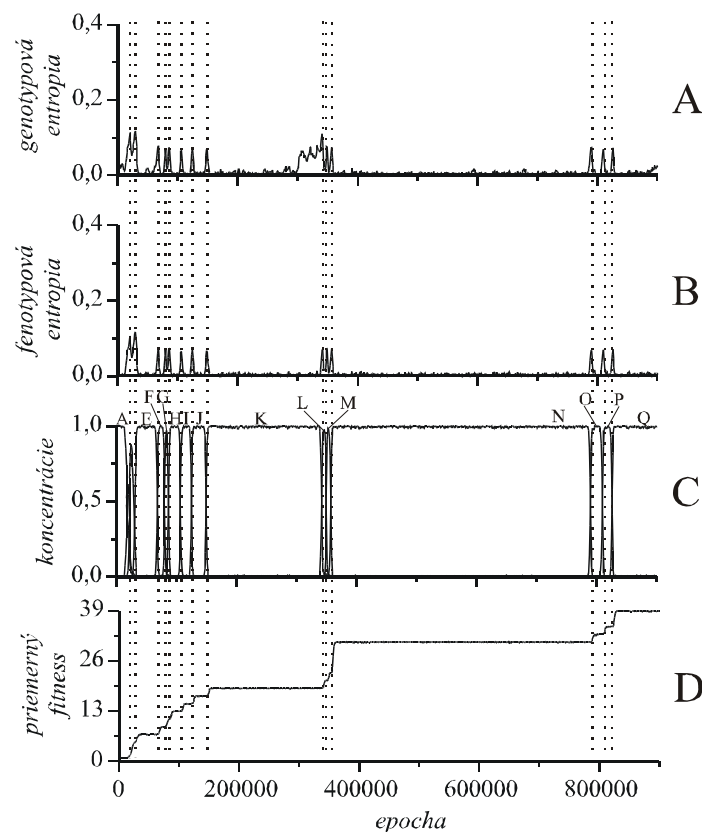
obsahuje $3 \times 6 = 18$ väzieb, ktoré sú tvorené dvojicami komplementárnych čísel 01 a 10, tento fenotyp môže byť priradený aspoň $2^{18} = 262144$ binárnym reťazcom. Šípka na obrázku znamená „evolučnú transformáciu“ počiatočného fenotypu na cieľový fenotyp, ktorá je uskutočnená pomocou chemostatového algoritmu (pozri Algoritmus 2).

Simulácia molekulovej Darwinovej evolúcie bude uskutočnená pomocou chemostatového algoritmu (pozri Algoritmus 2), pričom počiatočné zloženie chemostatu je tvorené len binárnymi reťazcami dĺžky $n=39$ tvaru

$$x_{ini} = 11111111111111111100000000000000000000000000000000$$

Cieľový fenotyp je špecifikovaný v zátvorkovej reprezentácii takto (pozri obrázok 19)

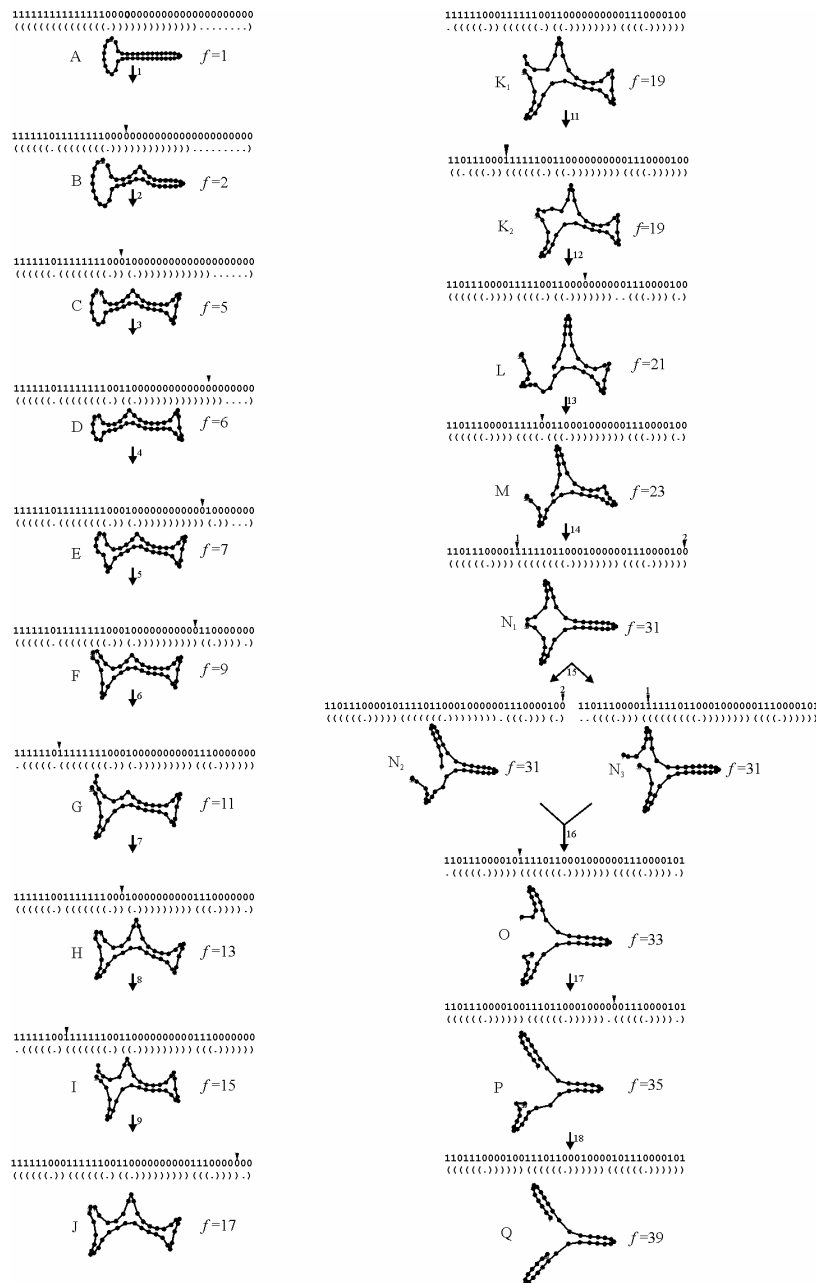
$$ph_{req} = ((((((.))))) ((((((.))))) ((((((.)))))$$



Obr. 20. Priebehy (A) genotypovej entropie, (B) fenotypovej entropie, (C) koncentračných profilov dominantných genotypov a (D) priemerného fitness. Priemerný fitness je neklesajúca funkcia, ktorá má „skokový“ charakter, obsahuje relatívne dlhé neutrálne etapy (stázie). Skoky na funkcii priemerného fitness sú dobre indikované obidvoma entropiami. Napríklad, ukončenie neutrálnej etapy (okolo epochy 320000) je indikované masívnou zmenou genotypovej entropie, zatiaľ čo zmeny fenotypovej entropie sú skoro zanedbateľné. Táto skutočnosť indikuje v tejto evolučnej etape existenciu veľa evolučných mutantov s rovnakým fitness, ktoré tvoria predpoklad evolučného skoku z fenotypu *K* na fenotyp *L*. Diagram C znázorňuje priebeh koncentračných profilov dominantných genotypov s fitness špecifikovaným priemernou hodnotou z diagramu D, každý koncentračný profil je identifikovaný znakom (písmena A – Q) fenotypu z obrázku 21.

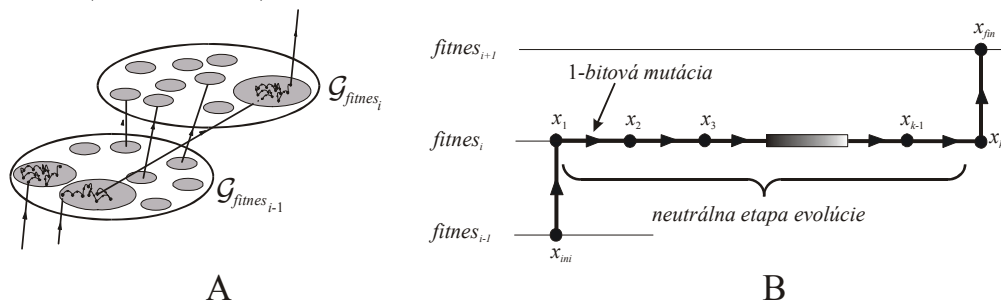
Táto „vrtuľová“ sekundárna štruktúra obsahuje tri „listy“, tento cieľový fenotyp bude slúžiť na ohodnocovanie genotypov (binárných reťazcov) pomocou fitness. To znamená, že očakávame v chemostate evolučnú emergenciu takých genotypov, ktorých folding – fenotyp je špecifikovaný na obrázku 19. Operátor mutácie O_{mut} je špecifikovaný pravdepodobnosťou 1-bitovej mutácie $P_{mut} = 0.0001$. Táto pravdepodobnosť je dostatočne malá k tomu, aby v chemostate vznikali len blízke genotypy (s malou Hammingovou vzdialenosťou). Veľkosť chemostatu (počet reťazcov) bola 500. Zloženie chemostatu môže byť charakterizované pomocou dvoch rôznych typov entropie, a to genotypovej entropie a fenotypovej entropie,

ktoré sú určené takto: nech $0 \leq w(x) \leq 1$ je koncentrácia genotypov, ktorých daná veličina X (genotyp alebo fenotyp) je ohodnotená číslom x , potom $S_X = -\sum_x w(x) \ln[w(x)]$. V prípade, že chemostat je homogénny, t.j. obsahuje len genotypy jedného druhu (teda aj fenotypy sú rovnaké), potom tieto entropie sú nulové, $S_{genotyp} = S_{fenotyp} = 0$. V opačnom prípade, ak chemostat nie je homogénny, obsahuje aspoň dva rôzne genotypy a fenotypy, potom entropie sú kladné, $S_{genotyp} > 0$, $S_{fenotyp} > 0$.

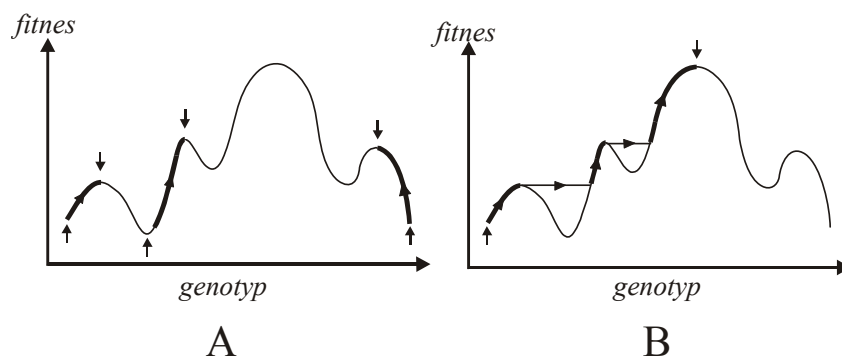


Obr. 21. Priebeh evolúcie v chemostate, kde počiatkový genotyp je špecifikovaný binárnym reťazcom x_{ini} a cieľový fenotyp je špecifikovaný útvarom znázorneným na obrázku 19. Identifikovalo sa 18 prechodných stavov, ktoré sú zostrojené z predchádzajúcich pomocou 1-bitovej mutácie (t.j. medzi danými binárnymi reťazcami je jednotková Hammingova vzdialenosť). Existujú dva prípady neutrálnych mutácií, prechody 11 a 15. Tieto prechody sú rôzneho typu, prvý prechod je priradený postupnosti neutrálnych mutácií, zatiaľ čo, druhý prechod reprezentuje dve paralelné neutrálne mutácie.

Numerické výsledky našich počítačových simulácií [35] molekulovej Darwinovej evolúcie sú znázornené na obrázkoch 20 a 21. Vidíme, že vygenerovaný priebeh priemerného fitness (diagram D, obrázok 20) je neklesajúca funkcia s niekoľkými relatívne dlhými neutrálnymi etapami – stázami. Diagramy A a B znázorňujú priebehy genotypovej a fenotypovej entropie, ktoré jednoznačne indukujú na konci prvej neutrálnej etapy (okolo epochy 300 000), že existuje podstatná odchýlka od genotypovej homogenity, t.j. v tejto evolučnej etape chemostat je tvorený z niekoľkých fenotypov s rovnakým fitnessom. Táto odchýlka od chemostatov homogénnosti môže byť považovaná ako nutná predbežná fáza pred evolučným prechodom do nového „stavu“ špecifikovaného novým fenotypom s vyšším fitness. Rovnaké situácie môžu byť identifikované taktiež pre fenotypové prechody A→B a E→F. Diagram C vyjadruje koncentračné profily dominantných fenotypov, ich tvary majú podobný tvar ako koncentračné profily s koncentračnými profilmi vyplývajúcimi z Eigenovej teórie (pozri obrázok 13). Tieto profily tvoria postupnosť dobre separovaných jednotkových maxim. Bodkované vertikálne pomocné čiary indikujú evolučné prechody pomocou entropií. Obrázok 21 znázorňuje postupnosť fenotypov (foldingov), od počiatkov z obrázku 19A, až po konečný – cieľový z obrázku 19B. Podobnosť jednotlivých fenotypov z tejto postupnosti s cieľovým fenotypom určuje fitness odpovedajúcich binárnych reťazcov, $fitness(x) = s(ph(x), ph_{req})$.



Obr. 22. Schematické znázornenie skoku medzi dvoma neutrálnymi etapami, kde sa fitness mení skokom $f \rightarrow f'$, symboly \mathcal{G}_f a $\mathcal{G}_{f'}$ reprezentujú „neutrálne“ množiny genotypov (binárnych reťazcov) ohodnotených rovnakým fitness f resp. f' . (A) V prvej neutrálnej etape, evolúcia vykonáva lokálne prehľadávanie v rámci množiny \mathcal{G}_f , kde počiatkový genotyp reprezentuje riešenie z posledného „skoku“ a finálne riešenie je schopné „preskočiť“ na riešenie z množiny $\mathcal{G}_{f'}$. Potom sa neutrálna etapa znovu opakuje, až je nájdené v rámci množiny $\mathcal{G}_{f'}$ nové riešenie, ktoré je schopné preskočiť na nasledujúcu neutrálnu množinu. (B) Podrobnejší „rozpis“ neutrálnej etapy s nemenným fitness $fitness_i$, postupnosť genotypov x_1 až x_k tvorí neutrálnu stáziu, v ktorej sa pripravuje evolúcia na ďalší „skok“ do množiny genotypov s väčším fitness.



Obr. 23. (A) Ilustratívny priebeh povrchu funkcie fitness pre molekulovú Darwinovu evolúciu, keď neutrálne mutácie neexistujú. Evolučná adaptácia vždy končí v najbližšom lokálnom maxime (v tomto prípade môže byť Darwinova evolúcia charakterizovaná ako lokálny optimalizátor, kde fitness populácie je „zamrznuté“ na najbližšom maxime). (B) Ak neutrálne mutácie existujú (zobrazenie genotypu na fenotyp je redundantné), potom povrch fitness funkcie obsahuje množstvo „chodníčkov“ s konštantným fitness, ktoré umožňujú evolúcii

preknanie hlbokých údolí na povrchu fitness funkcie. Darwinova evolúcia má dobrú šancu k dosiahnutiu globálneho maxima v priebehu adaptačného procesu. (Parafráza na obrázok z publikácie P. Schustra [45].)

Zo získaných numerických výsledkov vyplýva dôležitosť neutrálnych mutácií v molekulovej Darwinovej evolúcii, umožňujú evolúcii uniknúť z lokálnych riešení na povrchu funkcie fitness, pozri obrázok 23. V mnohých prípadoch, keď daný genotyp x nie je priamo spojený prostredníctvom 1-bitovej mutácie s iným genotypom x' s vyšším fitness (t.j. prechod $x \rightarrow x'$ reprezentuje evolučný skok), potom evolúcia stochasticky hľadá taký genotyp \tilde{x} , ktorý leží v susedstve genotypu x s rovnakým fitness, avšak tento nový genotyp umožňuje už evolučný skok $\tilde{x} \rightarrow x'$ pomocou 1-bitovej mutácie, pričom $fitness(x') > fitness(\tilde{x})$, pozri obrázok 22B.

3.8 Evolúcia v multiagentových systémoch

Cieľom tejto časti je aplikovať myšlienky univerzálneho darwinizmu k evolúcii multiagentových systémov, ktorých fitness je určený hlavne schopnosťou špecificky interagovať s ostatnými agentmi populácie. To znamená, že genotyp agentov špecifikuje spôsob interakcie s inými agentmi, pričom detaily jeho fenotypu – „telesnej schránky“ – sú ignorované. Tieto aplikácie multiagentových systémov spolu s univerzálnym darwinizmom znamenajú v súčasnosti významný prienik informatických metód k simuláciám sociálnych javov, akými sú evolučná emergenciacia kooperácie, altruizmu, etnickej kooperácie alebo konfliktu, normy správania sa, jazyka, mémov, atď.

Študujeme populáciu agentov (organizmov), $P = \{A_1, A_2, \dots, A_n\}$, kde agent A je špecifikovaný genotypom $x = x(A)$. Fitness agentov z populácie je určený vzťahom (pozri sekciu 2)

$$fitness(A) = \sum_{\substack{A' \in P \\ A' \neq A}} F(A, A')$$

ktorý určuje fitness agenta A ako sumu „platieb“, ktoré sú priradené interakciám daného agenta s ostatnými agentmi populácie. Fitness agentov je plne určený „stratégiou“ vzájomnej interakcie, ktorá je dominantná pre ich prežívanie a reprodukciu, zatiaľ čo, architektúra samotného agenta je v tomto prístupe nemenná. V tomto prístupe je fenotyp agenta reprezentovaný stratégiou interakcie s ostatnými agentmi. V zjednodušenom prístupe tieto stratégie splyvajú priamo s genotypom agenta, takže koncepcia dichotómie medzi genotypom a fenotypom agenta v tomto prístupe neplatí.

3.8.1 Sociálne dilemy

Ako vyplýva z teórie hier v ekonómii, aplikovanej tiež často na analýzu pretekov v **zbrojení medzi štátmi**, zjednodušenej zo skúmania ďalej preberaného "problému väzňov" (prisoner's dilemma – väzňova alebo väzenská dilema), kooperácia sa môže vynoriť zo sebeckého záujmu, keď je výhodná pre obidvoch. Vo všeobecnosti, keď hľadáme racionálne dôvody, či pri našej interakcii s niekým iným (s našim obchodným alebo iným partnerom) pristúpiť na kooperáciu, alebo nie, naše rozhodnutie by malo byť založené na racionálnych argumentoch a nie na predsudkoch a ideologických dôvodoch [2].

Medzi sociálne dilemy napríklad patrí oblasť životného prostredia (keď ho znečistím, negatívny vplyv na mňa je malý a úspora veľká, aj keď súčet negatívnych vplyvov pre

všetkých je významnejší ako moja úspora), obchodné vojny, vyjednávanie medzi krajinami a sociálne interakcie. Tu všade je výber medzi altruistickým správaním, kooperatívnym, alebo egoistickým. Na modelovanie toho sa používajú hry, ktoré dovoľujú analýzu rôznych scenárov.

Ľudské spoločnosti sú veľmi komplexné kooperatívne systémy, porovnateľné iba so sociálnym hmyzom. Napriek vonkajšiemu zdaniu spoločnosť okolo nás nie je v svojom rozhodovaní riadená iba krátkodobými sebeckými cieľmi. Ako myšlienkový dôkaz si môžete predstaviť situáciu, že by človeka vysadili do voľnej prírody. Ako dlho by asi prežil a ako by sa mu darilo? Z tejto predstavy môžeme usúdiť, že kooperácia je v rozvinutej spoločnosti nevyhnutná.

Je najskôr potrebné hľadať niečo podobné ako "neviditeľnú ruku trhu", ibaže vedúcu namiesto súťaženía k spolupráci. Tieto vplyvy najskôr nebudú určené prevažne geneticky na rozdiel od hmyzu, kde je víťazstvo kooperácie udržiavané genetickou homogénnosťou spoločenských. Z pohľadu tzv. sebeckého génu [10] pomoc blízkeho príbuznému znamená pomoc sebe samému. Ľudská spoločnosť je ale z tohto pohľadu príliš heterogénna, vysvetlenie spolupráce "sebeckým génom" asi nie je to pravé.

V žargóne teórie hier poznáme súťaživé interakcie ako "hry s nulovým súčtom", čo jeden získa, druhý stratí. Tento model je ale pre prax príliš obmedzujúci, zdroje nie sú konštantné. Keď sebeckosť jedincov spôsobuje, že ich zdatnosť ako jednotlivcov aj ako celku sa znižuje, namiesto toho aby sa zvyšovala, ide o "hry so záporným súčtom". Zmena systému tiež môže viesť k využitiu nevyužívaných zdrojov, kooperácia alebo symbióza odpovedá "hre s kladným súčtom".

V tejto kapitole ukážeme na jeden z možných prístupov k vysvetleniu vzniku kooperácie, ktorý je založený na simulačných výpočtoch pomocou hry nazývanej „*väzňova dilema*“.

Nech dvaja zloději boli zatknutí políciou pre vylúpenie *Národnej Pochvejnej Sporiteľne*, a boli separovane umiestnení do cely predbežného zadržania. Každému z páchatel'ov záleží o mnoho viac na tom, aby bol oslobodený on, ako na tom, aby bol oslobodený jeho spolupáchateľ. Pretože polícia nemala dostatok dôkazov k súčasnému usvedčeniu oboch páchatel'ov, prokurátor dal každému tento „diabolský“ návrh: „*Môžete si vybrať, buď sa priznať k lúpeži, alebo mlčať. Ak sa priznáte vy a váš komplic sa neprizná, tak potom celú vinu za lúpež dám na vášho komplicu, ktorý bude odsúdený na mnohoročný trest a vy budete oslobodený. Podobne, ak vy budete mlčať a váš komplic sa prizná k činu, potom on bude oslobodený a vy dostanete mnohoročný trest. Ak budete obaja mlčať a nepriznáte sa, potom, aj keď nerád, navrhnem súdu, aby vás oboch odsúdil iba na podmienený trest. V opačnom prípade, ak sa obaja priznáte, navrhnem vaše odsúdenie, ale sľubujem vám trest, ktorý tiež bude mnohoročný, ale kratší, ako v prípade, že by sa len jeden z vás priznal a druhý mlčal. Ak sa mienite priznať, dozorcovi nič nepovedzte, na druhý deň ráno vás znovu navštívim a môžete mi oznámiť vaše rozhodnutie*“.

„Dilema“, pred ktorou stoja obaja väzni, spočíva v tom, že nech sa druhý z nich rozhodne akokoľvek, vždy je lepšie nemlčať a priznať sa, než nepriznať svoju vinu. Táto dilema ilustruje konflikt medzi individuálnou a skupinovú racionálnosťou. Skupina ktorej členovia preferujú svoj vlastný záujem obvykle skončí horšie, ako tá skupina, ktorej členovia uprednostňujú skupinové záujmy. Tento problém bol navrhnutý a široko diskutovaný už počiatkom 50-tych rokov 20. storočia Merrillom Floodom a Melvinom Dresherom vo vtedy veľmi známej Rand Corporation inštitúcii, kde sa vedci snažili použiť teóriu hier k odhaleniu zákonitostí globálnej nukleárnej stratégie. Väzňova dilema sa stala často používaným prístupom k vysvetleniu vzniku kooperácie v rôznych sociálnych, ekonomických a iných systémoch, kde sa pomocou matematickej teórie hier a/alebo počítačových simulácií hľadajú „racionálne dôvody“ k tomu, prečo a za akých okolností je výhodnejšie spolupracovať, než ako nespoločovať.

3.8.2 Základné princípy hry "väzňovej dilemy"

"Väzňova dilema" (VD) [2] je hrou medzi dvoma hráčmi, kde každý z nich má výber z dvoch možností: spolupracovať (cooperate – C) alebo podvádzať (defect – D). Matica platieb tejto hry je daná takto

$$f = \begin{pmatrix} R & S \\ T & P \end{pmatrix} \Leftrightarrow \begin{pmatrix} 3 & 0 \\ 5 & 1 \end{pmatrix}$$

Keď oba hráči spolupracujú, potom dostanú „odmenu“ R (reward), ktorá by mala byť väčšia ako bodový zisk „trest“ P (punishment) získaný obidvoma hráčmi, keď podvádžajú. Ale keď jeden hráč podvádza (hrá D) zatiaľ čo ten druhý spolupracuje (hrá C), potom podvádžajúci získa výplatu bodov T (temptation - pokušenia) ktorá je väčšia ako R , zatiaľ čo spolupracujúci dostáva počet bodov S (sucker – ten, čo naletel) ktorá je menšia ako P . Platby spĺňajú nerovnosti $T > R > P > S$ a $2R > T + S$. Druhá nerovnosť znamená, že celková výplata pre dvoch hráčov je väčšia keď obaja spolupracujú v porovnaní so súčtom bodov keď jeden spolupracuje a druhý nie.

Uvažujme hráča – agenta A , jeho stratégia $s(A)$ je súbor pravidiel, ktoré použije pri výbere ťahu C alebo D (spolupráce alebo podvádžania) proti druhému hráčovi, na základe predošlej histórie hry. Pri iba jednej iterácii by samozrejme bolo výhodné zradiť pri polovičnej šanci stretnúť spolupracujúceho, no keď sa iterácie s tým istým spoluväzňom opakujú a vopred nie je známy počet iterácií, metóda ako sa zachovať nie je jasná. Hra sa opakuje t_{max} -krát (dôležitý parameter hry), na záver hry sa spočítajú platby jednotlivých hráčov. Funkcia $Strat\u00e9gia(x, t)$ v nasledujúcom algoritme poskytuje stratégiu hráča $x (= a, b)$ v čase t . Pre jednoduchosť v našich ďalších úvahách budeme používať stratégiu, pri ktorej hráč zvolí ťah na základe predchádzajúceho ťahu súpera. Stratégia je určená pomocou 3-bitového vektora (t.j. hráči si pamätajú predchádzajúci ťah oponenta) $s = \{s_1, s_2, s_3\} \in \{0,1\}^3$, kde jednotlivé zložky (0 – kooperácie, 1 – nekooperácia) majú túto interpretáciu:

(1) s_1 určuje prvý ťah hráča: ak $s_1=0$, potom hráč kooperuje, v opačnom prípade, ak $s_1=1$, nekooperuje.

(2) s_2 určuje ťah hráča v prípade, že druhý hráč v predchádzajúcom kroku kooperoval: ak $s_2=0$, potom hráč kooperuje, v opačnom prípade, ak $s_2=1$, nekooperuje.

(3) s_3 určuje ťah hráča v prípade, že druhý hráč v predchádzajúcom kroku nekooperoval: ak $s_3=0$, potom hráč kooperuje, v opačnom prípade, ak $s_3=1$, nekooperuje.

Takáto stratégia vyžaduje len krátkodobú pamäť hráčov, požaduje len znalosť posledného kroku protivníka - druhého hráča. Celkový počet rôznych 1-stratégií je $2^3=8$. Keby si väzni mali pamätať viac krokov do minulosti, s každým takým krokom by exponenciálne narastala zložitosť zápisu stratégie.

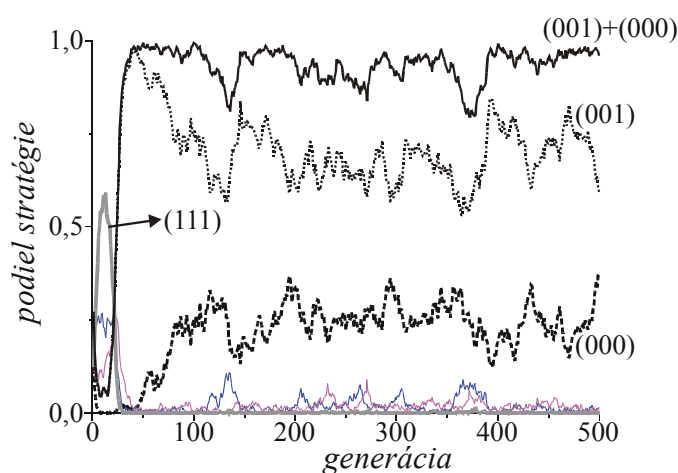
Majme dve stratégie $s(A)=(010)$ a $s(B)=(101)$, potom nasledujúcich 5 ťahov hráčov a a b a taktiež aj jednotlivé platby na základe matice platieb (1) sú určené pomocou nasledujúcej tabuľky

ťah	agent A		agent B	
	ťah	platba	ťah	platba
1	0	0	1	5
2	0	3	0	3
3	1	5	0	0
4	1	1	1	1
5	0	0	1	5
suma:		9		14

V prvom ťahu oba hráči použijú ťahy, ktoré sú určené prvou zložkou ich stratégií. V nasledujúcich ťahoch už sú determinovaní ťahom súpera v predchádzajúcom ťahu.

3.8.3 Simulácia emergencie stabilnej stratégie pomocou genetického algoritmu

Pri plánovaní stratégie na základe predchádzajúcich skúseností s protihráčom sa často používa genetický algoritmus. Táto aplikácia genetického algoritmu prvýkrát vznikla zo spolupráce amerického politológa Roberta Axelroda [2] s informatikom a tvorcom genetických algoritmov Johnom Hollandom a rozvíjala sa ďalej pre zložitejšie modely medzinárodnej bezpečnosti odpovedajúce napr. na otázku, koľko z rozpočtu vydávať na obranu. V časovom priebehu je zaujímavé sledovať vývoj kooperatívnych a nekooperatívnych stratégií. Kooperatívne stratégie sa spočiatku ukázali menej výhodné, no v neskorších štádiách prevládali.



Obr. 24. Výsledky genetického algoritmu použitého pre emergenciu výslednej stratégie, pričom populácia stratégií bola inicializovaná náhodne. V priebehu evolúcie algoritmu spontánne emergovali dve „kooperatívne“ stratégie (001) a (000), ktoré zahajujú hru kooperáciou a na kooperáciu súpera v predchádzajúcom ťahu odpovedajú kooperáciou v nasledujúcom ťahu. V dôsledku toho, že väčšinová stratégia (001) neprodukuje „podvod“, menšinová stratégia (000) nemá príležitosť reagovať spoluprácou na podvod.

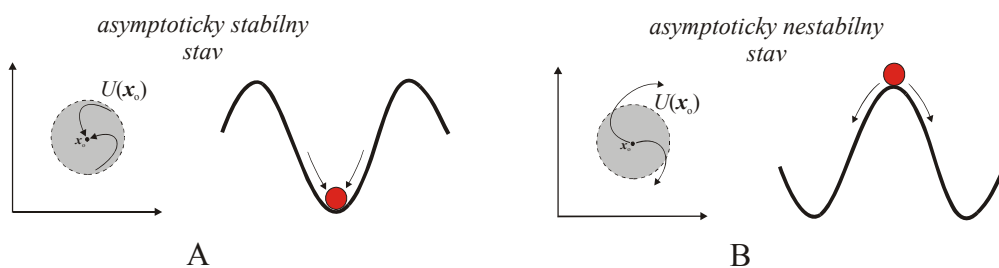
Základné princípy genetického algoritmu použitého k štúdiu emergencie „najvýhodnejšej“ stratégie sú rovnaké ako u klasického genetického algoritmu. Populácia je zložená z chromozómov - stratégií. Algoritmus je inicializovaný náhodne vytvorenou populáciou stratégií. Fitnes chromozómov sa určí pomocou "megaturnaja", kde všetky možné dvojice hrajú VD hru, celková platba každého chromozómu získaná v tomto megaturnaji je fitnes. Štandardná realizácia reprodukčného procesu obsahuje selekciu dvoch stratégií na základe ich fitnes (stratégie s väčším fitnes majú väčšiu pravdepodobnosť byť vybrané do reprodukčného procesu), ktorá sa obvykle realizuje pomocou Goldbergovej rulety. Vybrané stratégie vstupujú do vlastného procesu reprodukcie, ktorý obsahuje kríženie a mutáciu. Výsledné stratégie – potomkovia tvoria novú populáciu, ktorá keď obsahuje rovnaký počet potomkov, ako mala pôvodná populácia počet rodičov, nahradí rodičovskú populáciu populáciou potomkov. Numerické výsledky genetického algoritmu sú znázornené na obr. 24. Ako výsledná stratégia emergujú dve podobné stratégie (001) a (000), ktoré obe zahajujú hru kooperáciou a na kooperáciu odpovedajú kooperáciou. Líšia sa v reakcii na podvod, prvá stratégia (001) reaguje na podvod podvodom, zatiaľ čo druhá stratégia (000) „hlúpo“ reaguje na podvod kooperáciou. Stratégia (001) sa nazýva podľa Axelroda tit-for-tat (vo voľnom

preklade, ako ty mne, tak ja tebe). Menšinová stratégia „dobrák“ (000) má šancu prežívať iba popri stratégii tit-for-tat.⁹

3.8.4 Evolučne stabilné stratégie

Z evolučnej teórie hier zavádza veľmi užitočný pojem „evolučne stabilná stratégia“, ktorý je vo veľmi blízkej analógii s pojmom „asymptoticky stabilný stav“, pochádzajúcom z dynamickej teórie systémov [41], pozri obr. 25.

Asymptoticky stabilný stav je charakterizovaný podmienkou, že ak ho trochu vychýlime z jeho rovnovážnej polohy, potom v dynamickom systéme nastanú procesy, ktoré ho vrátia do pôvodnej polohy. Asymptoticky nestabilný stav sa už nevráti po vychýlení do pôvodnej polohy. Aby sme mohli použiť túto analógiu z dynamických systémov, pojem stav nahradíme novým pojmom „stratégia“, ktorý špecifikuje interakcie agenta s inými agentami populácie. Na základe analógie z teórie dynamických systémov, definujeme *evolučne stabilnú stratégiu* (ESS) [39] tak, že ak populácia P obsahuje agentov prevažne len s referenčnou stratégiou a taktiež podstatne menej iných agentov s menšinovou stratégiou, potom evolučné procesy spontánne prebiehajúce v populácii po určitom čase túto menšinovú stratégiu eliminujú z populácie.



Obr. 25. Znázornenie asymptoticky stabilného (A) a asymptoticky nestabilného (B) stavu s jednoduchou fyzikálnou interpretáciou guľôčky, ktorá je buď v jamke (príklad asymptoticky stabilného stavu), alebo je na vrchole kopčeka (príklad asymptoticky nestabilného stavu). Ľavé časti obrázkov odpovedajú presnej matematickej definícii stavov, pre asymptoticky (ne)stabilný stav x_0 existuje také okolie $U(x_0)$, že ak trajektória má počiatočný stav v tomto okolí, potom asymptoticky (pre $t \rightarrow \infty$) trajektória vždy končí v bode x_0 (vždy opúšťa okolie).

Nech populácia P obsahuje prevažne väčšinovú referenčnú stratégiu s_0 a v malom rozsahu aj menšinovú stratégiu s_1 .

$$P = P_0 \cup P_1, P_0 = \{s_0, s_0, \dots, s_0\}, |P_0| = p, P_1 = \{s_1, s_1, \dots, s_1\}, |P_1| = q$$

pričom predpokladáme, že počet stratégií s_0 je podstatne viac ako menšinových stratégií s_1 , $p \gg q \gg 0$ (pozri obr. 26). Fitness týchto dvoch stratégií je určený takto

$$f(s_0) = (p-1)F(s_0, s_0) + qF(s_0, s_1)$$

$$f(s_1) = (q-1)F(s_1, s_1) + pF(s_1, s_0)$$

Pretože evolúcia populácie prebieha na základe prirodzeného výberu, podmienka evolučnej stability stratégie s_0 má tvar

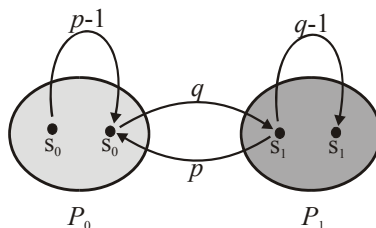
$$f(s_0) > f(s_1) \Rightarrow (p-1)F(s_0, s_0) + qF(s_0, s_1) > (q-1)F(s_1, s_1) + pF(s_1, s_0)$$

Z predpokladu $p \gg q \gg 0$ vyplýva, že stratégia s_0 je evolučne stabilná, ak platí buď prvá podmienka (dominantná) alebo druhá podmienka (vedľajšia, keď dominantná neplatí)

⁹ ďalšia úspešná stratégia založená na trocha inom princípe sa volá Pavlov. Keď jedinec dostane odmenu T alebo R , opakuje svoj krok, keď dostane P alebo S , prepne z nespolupráce na spoluprácu alebo naopak. Ešte zložitejšie sú pravdepodobnostné stratégie.

$$F(s_0, s_0) > F(s_1, s_0)$$

$$F(s_0, s_0) = F(s_1, s_0) \text{ a } F(s_0, s_1) > F(s_1, s_1)$$



Obr. 26. Výpočet fitness pre referenčnú stratégiu s_0 a menšinovú stratégiu s_1 . Podpopulácia P_0 obsahuje p referenčných stratégií s_0 a podpopulácia P_1 obsahuje q menšinovej stratégie s_1 .

Podmienka ESS pre referenčnú stratégiu s_0 vzhľadom k menšinovej stratégii obsahuje dve kritéria, buď je splnené prvé kritérium, alebo ak nie je splnené (podmienka rovnosti), potom musí platiť splnené druhé kritérium, ktoré je však podstatne subtilnejšie vzhľadom k prvému kritériu (rezultujúci fitness stratégií je násobkom platieb parametra q , ktorý je však podstatne menší ako parameter p , od ktorého je odvodené prvé kritérium).

Týmto sme dostali jednoduché podmienky, ktoré špecifikujú či daná stratégia s_0 je v prítomnosti malého počtu vtreleckých stratégií s_1 evolučne stabilná. Podmienky požadujú len znalosť funkcie platieb pre jednotlivé stratégie. Tieto platby urobené ako súčet platieb z piatich ťahov za sebou pre všetky možné dvojice stratégií sú ukázané v nasledujúcej tabuľke

	(000)	(001)	(010)	(011)	(100)	(101)	(110)	(111)
(000)	15	15	3	3	12	12	0	0
(001)	15	15	12	6	4	10	9	4
(010)	23	12	11	4	18	9	0	0
(011)	23	11	19	7	20	8	16	4
(100)	17	14	8	5	13	1	4	1
(101)	17	15	14	8	15	5	10	5
(110)	25	14	25	6	19	10	9	1
(111)	25	9	25	9	21	5	21	5

Dvojica stratégií 001 a 111 vyhovuje podmienke $F(s_0, s_0) > F(s_1, s_0)$, teda by teoreticky mohli byť stabilné, keby nebolo dvojíc stratégií 000 – 001 a 101 – 111. Tieto dvojice stratégií majú pri vzájomnej hre rovnaké ohodnotenie. Stratégia 000 sa teda popri stratégii 001 môže náhodnými mutáciami rozšíriť. Potom, čo sa rozšíri, môže náhodne vzniknúť ďalšia stratégia, ktorá ich využije na svoje rozšírenie. Podobne to platí aj pre dvojicu stratégií 101 – 111.

Keby stratégie 000 a 101 boli zakázané, potom by stratégie 001 a 111 boli evolučne stabilné. Každá dvojica by bola v tzv. Nashovej rovnováhe¹⁰, teda stratégia, ktorá by nahradila jednu stratégiu z dvojice 001 – 001 alebo z dvojice 111 – 111 by si zhoršila platbu. V prípade nahradenia tit-for-tat nespolupracujúcim by síce nespolupracujúci skončil horšie ako predtým, ale relatívne lepšie ako jeho spoluhráč. Vzhľadom k tomu, že sa ale fitness porovnáva v rámci celej populácie, nespolupracujúci by na tom bol stále zle, jeho spoluhráč tit-for-tat by nabral fitness v interakciách s ostatnými tit-for-tat (pozri obrázok 27).

¹⁰ Keď existuje súbor stratégií s takou vlastnosťou, že žiaden hráč nemôže profitovať na zmene svojej stratégie, zatiaľ čo ostatní hráči svoju stratégiu nezmenia, potom tento súbor stratégií je v Nashovej rovnováhe (spomeňte si na film Čistá duša – Beautiful mind).

Podobne sa dajú študovať aj stratégie agentov, ktorí si pamätajú dva alebo viac krokov do minulosti. Spolu so zložitou stratégiou ale narastá tendencia k nespolupráci a chaotické správanie populácie, aj keď je možné tieto tendencie prekonať napríklad ustanovením „administrátora“, ktorý by stochasticky trestal nespoluprácu.

Pomocou tohto výsledku pokúsime sa odvodiť podmienku pre ESS stratégie s_0 , ktorá obsahuje len diagonálne platby. Nech nediagonálna platba pre s_0 a s_1 je približne určená vzťahom

$$F(s_1, s_0) \doteq \frac{1}{2} [F(s_0, s_0) + F(s_1, s_1)] \left(1 - \frac{d(s_1, s_0)}{d_{max}} \right)$$

kde $d(s_1, s_0)$ je „vzdialenosť“ medzi stratégiami s_0 a s_1 a d_{max} je jej postulovaná maximálna hodnota. Nediagonálna platba $F(s_1, s_0)$ je teda určená ako priemer príslušných diagonálnych hodnôt krát člen špecifikujúci podobnosť medzi stratégiami. Dosadením tohto vzťahu do prvej podmienky ESS po jednoduchých algebraických úpravách dostaneme

$$F(s_0, s_0) > F(s_1, s_1) \frac{d_{max} - d(s_1, s_0)}{d_{max} + d(s_1, s_0)}$$

Nech stratégia s_1 vznikne zo stratégie s_0 1-bodovou (minimálnou) mutáciou, potom môžeme položiť $d(s_1, s_0) = 1$, podmienka pre evolučnú stabilitu s_0 vzhľadom k s_1 má tento konečný tvar

$$F(s_0, s_0) > F(s_1, s_1) \frac{d_{max} - 1}{d_{max} + 1}$$

Táto podmienka je podstatne jednoduchšie aplikovateľná ako jej pôvodný tvar požadujúci aj znalosť nediagonálnych platieb. Jeden z dôležitých dôsledkov tejto formule je výsledok, že ak s_0 je nejaká evolučne výsledná dominantná stratégia a predpokladáme, že vedľajšie stratégie z nej odvoditeľné pomocou 1-bodovej mutácie sú veľmi blízke pôvodnej dominantnej stratégii s_0 , $F(s_0, s_0) = F(s_1, s_1)$, potom dominantná stratégia je evolučne stabilná, lebo $d_{max} - 1 < d_{max} + 1$. K tomu, aby sa vedľajšia stratégia stala dominantnou je potrebné, aby diagonálna platba $F(s_1, s_1)$ bola podstatne väčšia ako platba $F(s_0, s_0)$, potom aj napriek pomerne veľkej zotrvačnosti pretrvávania pôvodnej stratégie s_0 presadí sa evolučne (po peripetiách jej fluktučného vracania sa do dominantného postavenia) odvodená stratégia s_1 .

3.8.5 Tragédia spoločného

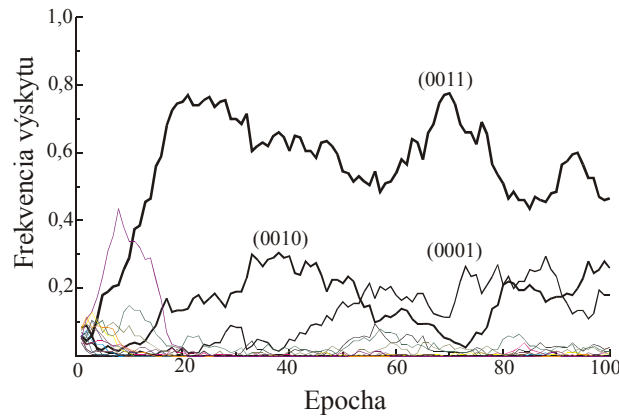
Modelový príklad egoistických tendencií erodujúcich spoluprácu je tzv. tragédia spoločného definovaná Garrettom Hardinom r. 1968 [24]: "Predstavte si pastvinu prístupnú pre všetkých. Dá sa očakávať, že každý pastier sa pokúsi držať na spoločnej pastvine toľko dobytky, ako sa len dá. Ako racionálny jedinec, každý pastier sa snaží maximalizovať svoj zisk. Explicitne alebo implicitne sa pýta: "Akú zmenu výnosu pre mňa znamená prídavok jedného alebo viac zvierat k môjmu stádu?"

1. Pozitívna časť je funkciou prínosu jedného zvierat'a. Pretože pastier dostáva všetok zisk z predaja zvierat'a, možný príspevok sa blíži + 1.

2. Negatívna časť je funkciou prídavku prílišného spásania pridaným zvierat'om. Pretože ale výsledky prílišného spásania sú zdieľané všetkými pastiermi, negatívny príspevok pre ktoréhokolvek rozhodujúceho sa pastiera je iba zlomkom z - 1.

Keď si racionálny pastier spočíta pozitívnu a negatívnu časť prínosu, vychádza mu, že jediné rozumné riešenie je preňho pridať ďalšie zviera k stádu. A ešte ďalšie ...

Ale toto je záver každého racionálneho pastiera zdieľajúceho pastvinu. V tom je tá tragédia. Každý človek je uväznený v systéme, ktorý ho núti zväčšovať svoje stádo bez obmedzenia - v svete ktorý je limitovaný. ... Sloboda v užívaní spoločnej pastviny prináša skazu pre všetkých."



Obr. 27. Tragédia spoločnej pastviny a jej modelovanie troma pastiermi. Výsledok genetického algoritmu – zobrazenie frekvencie výskytu stratégií pre spoluprácu troch hráčov. Ako je vidno, vyhráva stratégia 0011, ktorá znamená, že na začiatku je výhodné spolupracovať, a pokiaľ všetci spolupracujú, aj pre mňa je výhodné spolupracovať. Pokiaľ ale iba jeden nespupracuje, je aj pre mňa výhodné nespupracovať. Ku koncu vývoja sa vyskytuje aj stratégia 0001 a 0010, ktorá pripúšťa možnosť spolupráce, aj keď jeden alebo dvaja spoluhráči z turnaja nespupracujú. To je ale výchyľka spôsobená tým, že ku koncu vývoja sa vyskytujú väčšinou jedinci zo stratégie 0011, a teda situácia stretnutia s nespupracujúcimi jedincami prakticky nenastáva.

Vyššie uvedený príklad sa dá modelovať tiež pomocou väzňovej dilemy, kedy sa namiesto dvoch väzňov interagujú traja alebo viac. Zovšeobecnená väzňova dilema pre viac hráčov (konkrétna stratégia je pre troch) má potom stratégiu $s = (s_1, s_2, s_3, s_4) \in \{0,1\}^4$ špecifikovanú takto

s_1 prvý ťah
s_2 ťah ak všetci 3 oponenti kooperovali
s_3 ťah ak aspoň 2 oponenti kooperovali
s_4 ťah ak aspoň 1 oponent kooperoval

Potom napríklad stratégia (0 1 1 0) v prvom kroku kooperuje, nekooperuje, keď v predošlom kroku všetci ostatní kooperovali, nekooperuje, keď v predošlom kroku jeden spoluhráč nekooperoval, kooperuje, keď v predošlom kroku všetci ostatní kooperovali. Výsledok je obr. 27.

Všeobecné vlastnosti víťaznej stratégie: hra je **zahájená kooperáciou**, ak v predchádzajúcom ťahu **všetci oponenti kooperovali, potom kooperuj**, ak v predchádzajúcom ťahu **aspoň jeden oponent nekooperoval, potom nekooperuj**.

Pretože vo väčších celkoch sa vždy nájde nekooperujúci jedinec, nastáva všeobecná nespupráca - tragédia spoločnej pastviny napr. u rybolovu v medzinárodných vodách, pri rúbaní pralesov, starosti o spoločné zavodňovanie alebo znečisťovanie atmosféry. Politológ Axelrod tvrdí, že k tomu, aby v spoločnosti vznikla kooperácia, musia v nej existovať inštitúcie, ktoré kontrolujú - penalizujú nekooperáciu.

Tabuľka pre prvých päť ťahov zovšeobecnenej väzňovej dilemy pre troch hráčov, ktorých stratégie sú určené ako (0110), (1100), (0011)

No.	Ťah	Skóre
-----	-----	-------

	1. hráč	2. hráč	3. hráč	1. hráč	2. hráč	3. hráč
1	0	1	0	3	10	3
2	1	1	1	2	2	2
3	0	0	1	3	3	10
4	1	0	0	10	3	3
5	1	0	1	6	0	6
Celkové skóre:				24	18	24

Okrem zavedenia administrátora trestajúceho nespoluprácu sa emergenciu spolupráce dá dosiahnuť aj priestorovým rozmiestnením stratégií, ktoré potom môžu interagovať iba s blízkymi stratégiami, alebo zavedením "dobrého mena" jedincov, kedy si jedinci vymieňajú informácie o spolupráci či nespolupráci ostatných, a k tým, čo nespolupracovali s ostatnými, sa správajú, ako keby nespolupracovali s nimi - tzv. moralistická agresia. Ďalšou možnosťou je aj tzv. skupinový výber, kde súťaž prebieha nielen medzi jedincami v rámci populácie, ale aj medzi populáciami. Populácia s príliš veľa sebcami má oproti ostatným populáciám nižšie priemerné skóre u jedincov, preto zanikne. U biológov je táto predstava uznávaná iba obmedzene, pretože rýchlosť výmeny jedincov je väčšia ako rýchlosť výmeny populácií, a teda populácia sa skôr nakazí egoizmom, ako by mala zvíťaziť nad inou už egoistickou populáciou. U spoločností ale toto vysvetlenie môže mať svoj význam.

Evolučné štúdium väzňovej dilemy sa dá použiť aj na modelovanie vnútro- a medzietnických vzťahov [38]. U najjednoduchšieho modelu s dvoma etnikami medzi jedincami populácie P existujú tri typy interakcií: vnútroetnické interakcie v rámci etnickej skupiny A , vnútroetnické interakcie v rámci etnickej skupiny B , a konečne, medzietnické interakcie medzi jedincami z A a B . Postulujeme, že frekvencia medzietnickej interakcie je oveľa menšia ako frekvencia vnútroetnických interakcií v A alebo B . Jedinec je vybavený zafixovanou stratégiou väzňovej dilemy, dokáže rozpoznať etnickú skupinu druhého a jeho penalizáciu, čo je označenie nespolupracujúcich jedincov (alebo etnika) spolupracujúcimi jedincami. Evolúcia populácie prebieha nezávisle pre obidve etnické skupiny A a B . Fitness jedincov je vypočítaný pomocou "turnaja", kde je predpísaný počet-krát náhodne vybraná dvojica agentov, ktorí spolu hrajú jeden ťah hry väzňovej dilemy. K štúdiu medzietnických interakcií boli použité dve rozdielne evolučné stratégie.

V prvej stratégii, ktorá sa nazýva *kolektívna vina*, je potrestaná celá etnická skupina za akt nespolupráce svojho člena voči členovi druhej etnickej skupiny. Zo simulačných výpočtov a teoretických úvah vyplýva, že tento typ stratégie nevedie k emergencii spolupráce medzi rozdielnymi etnickými skupinami, pokiaľ nezavedieme administrátora pokutujúceho akty nespolupráce. Keď etnické skupiny majú veľmi rozdielne veľkosti, princíp kolektívnej viny môže byť veľmi devastujúci pre menšiu etnickú skupinu, v ktorej môže zaniknúť aj vnútroetnická spolupráca.

Druhou použitou stratégiou pre podporu spolupráce je tzv. *osobná zodpovednosť*, kedy člen skupiny, ktorý nespolupracuje v rámci medzietnických interakcií, je potrestaný osobne v rámci svojej etnickej skupiny. To znamená, že na rozdiel od princípu kolektívnej viny, v tejto stratégii existuje len jeden typ "potrestania", členovia sú označení penalizáciou osobne. Simulačné výpočty spolu s teoretickou analýzou ukazujú, že v tomto prípade môže emergovať medzietnická spolupráca.

3.9 Závery

Metafora univerzálneho darwinizmu rozširuje princípy darwinizmu ako univerzálneho prístupu k štúdiu evolúcie nielen v biológii, ale aj v iných vedných oblastiach (chémia,

sociálne vedy, informatika, umelá inteligencia, kognitívna veda,...). V informatike univerzálny darwinizmus poskytuje jedinečnú možnosť simulácií darwinovskej evolúcie prostriedkami „in silico“ (t. j. počítačom), môžeme konštatovať tieto všeobecné závery:

- Evolučné algoritmy tvoria robustný optimalizačný prostriedok pre rôzne kombinatoriálne úlohy (napr. z teórie grafov, operačného výskumu, inžinierskej praxe návrhu zložitých zaradení, a pod.).
- Evolučné multiagentové systémy umožňujú počítačové simulácie sociálnych systémov, emergenciu kooperácie a komunikácie vypracovať evolučné základy memetiky ako špeciálneho prípadu multiagentových systémov, študovať etnické konflikty v multiagentových systémoch, a pod.
- Univerzálny darwinizmus umožňuje informatike aktívne interagovať so sociálnymi a behaviorálnymi vedami.

Z ilustračných výpočtov molekulovej Darwinovej evolúcie vyplývajú tieto dôležité všeobecné závery pre univerzálny darwinizmus:

(1) Eigenova **teória replikátorov** tvorí dobrý fenomenologický základ molekulovej darwinovej evolúcie. Priebehy koncentračných profilov získaných riešením diferenciálnych rovníc popisujúcich dynamiku chemostatu replikátorov, ktoré boli získané vhodným výberom rýchlostných konštánt, poskytujú priebehy koncentrácií, ktoré sú veľmi podobné experimentálne pozorovaným [47] (pozri obrázok 13).

(2) Darwinovská evolúcia prebieha ako Monodovská [42] vzájomná hra medzi **náhodou a nutnosťou**, medzi deterministickým a stochastickým charakterom, ktoré sú jej integrálnou súčasťou. Evolúcia obsahuje časti, ktoré sú plne deterministické – plne predpovedateľné (napr. zobrazenie genotypu na fenotyp), a taktiež aj stochastické časti, ktoré nemôžu byť dobre predpovedateľné, môže hovoriť len o ich štatistických charakteristikách (napr. mutácie). V tejto súvislosti sa občas používa terminológia zavedená americkým informatikom a zakladateľom umelého života Christopherom Langtonom „na hrane chaosu“ (angl. *on the edge of chaos*). Používa sa termín „evolúcia prebieha na hrane chaosu“, ktorý sa interpretuje takto: Hlavnou hnacou silou inovácií v evolúcii sú mutácie, preto by sme sa mohli domnievať, že čím častejší je výskyt mutácií pri reprodukčnom procese, tým väčšia je pravdepodobnosť výskytu inovácie. Avšak, ak miera mutácií prekročí určitú kritickú hodnotu, efektívnosť evolúcie sa zničí a stáva sa z nej niečo čo môžeme nazvať „slepé hľadanie“, bez vplyvu stratégie prirodzeného výberu, ktorý je schopný efektívne selektovať pozitívne mutácie. V opačnom prípade, ak miera výskytu mutácií je veľmi malá, evolúcia sa v podstate zastaví a zamrzne v aktuálnom stave. Preto môžeme povedať, že frekvencia výskytu mutácií musí byť dostatočne veľká, ale zas nie moc, aby sa evolúcia nerozpadla, hovoríme, že musí byť na hrane chaosu.

(3) Konceptia Sewalla Wrighta [51] **povrchu funkcie fitness** môže byť považovaná ako jeden z najväčších úspechov Darwinovej evolučnej teórie a taktiež aj ako jeden zo zdrojov jej univerzálneho charakteru. Táto koncepcia má veľký heuristický význam v tom, že Darwinova evolúcia môže byť interpretovaná ako špeciálny druh evolučného algoritmu [15,25,37], ktorý je schopný riešiť extrémne komplikované kombinatoriálne optimalizačné problémy. V prvej sekcii bol formulovaný Wrightov názor na evolúciu ako na optimalizačný proces na povrchu funkcie fitness (pozri obrázok 2). V tejto súvislosti Wright poznamenal, že jeden z hlavných cieľov teórie evolúcie je popísať mechanizmy, ktoré umožňujú evolúcii nájsť „spojité cesty“ z jedného vrcholu do druhého vrcholu na povrchu fitness funkcie, k tomu, aby evolúcia bola schopná nájsť globálne riešenie (maximum). Ak by takáto možnosť neexistovala, potom by evolúcia vždy „zamrzla“ v lokálnom riešení, ktoré by nebola schopná opustiť. Naše modelové výpočty pomocou molekulovej Darwinovej evolúcie umožňujú popísať evolučný mechanizmus úniku z lokálnych riešení (toto riešenie je široko študované viedenským

teoretickým chemikom a biológom Petrom Schusterom so spolupracovníkmi [45,46,15-20]) pomocou existencie neutrálnych mutácií, ktoré menia genotyp ale neprejavujú sa zmenou fenotypu (foldingu).

(4) Ako už bolo poznamenané v predchádzajúcom bode, použitý model molekulovej evolúcie umožňuje vysvetliť **úlohu neutrálnych mutácií** v Darwinovej evolučnej teórii. (pozri obrázky 22 a 23). Existencia neutrálnych mutácií na povrchu funkcie fitness je významná pre vymanenie sa z evolučných pascí lokálnych miním. Darwinova evolúcia obsahuje dlhodobé neutrálne stázy, kde priemerný fitness populácie je konštantný (môže vykazovať malé fluktuácie), ale zloženie populácie stochasticky „vandruje“ smerom ku genotypu, z ktorého je možný „skok“ na genotyp s väčším fitness, pomocou 1-bitovej mutácie. Dĺžka týchto neutrálnych evolučných epoch je úmerná pravdepodobnosti náhodného „skoku“ na genotyp s väčším fitness. Ak je táto pravdepodobnosť veľmi malá, potom neutrálna epocha môže trvať veľmi dlho. V opačnom prípade, ak je pravdepodobnosť „skoku“ veľká, tak potom neutrálna epocha netrvá dlho. Existencia neutrálnych mutácií je podmienená typom zobrazenia genotypu na fenotyp, ak je toto zobrazenie vysoko redundantné, tak potom pre daný genotyp existuje mnoho neutrálnych mutácií, ktoré zachovávajú nemennosť fenotypu.

(5) **Časová orientácia** Darwinovej evolúcie je jednoznačná, táto skutočnosť sa prejavuje napr. existenciou neklesajúceho priebehu priemerného fitness. Genotypy s väčším fitness sa replikujú častejšie, tieto genotypy majú určitú selekčnú výhodu pred ostatnými genotypmi s malým fitness. Inými slovami, Darwinova evolúcia je taká progresívna zmena priemerného populačného genotypu, ktorá sa prejaví neklesajúcim charakterom priemerného fitness v priebehu celej evolúcie.

(6) Dve rôzne časové merítka môžu byť v evolúcii identifikované. **Adaptívna epocha** spočíva v náhlej zmene priemerného fitness (pozri obrázok 20, diagram D), kde koexistujú dva rozdielne fenotypy; pôvodný fenotyp má menší fitness, zatiaľ čo nový fenotyp má väčší fitness. Pretože pravdepodobnosť replikácie genotypov je úmerná ich fitness, genotypy priradené novému fenotypu majú väčšiu pravdepodobnosť sa replikovať, než pôvodné genotypy. Pretože nové genotypy v populácii rýchlo zvíťazia, adaptívna fáza, kde staré genotypy sú nahradzované novými genotypmi, sa zdá externému pozorovateľovi ako extrémne rýchly proces. Na druhej strane, Darwinova evolúcia obsahuje **aj neutrálnu epochu**, ktorá spočíva v dlhobodej stáze, kde existujú stochastické mutácie pripravujúce nasledujúcu adaptívnu epochu.

(7) Evolučné vlastnosti chemostatového modelu sú inštruktívne špecifikované pomocou entropií dvoch typov [35]. **Fenotypová entropia** postihuje zmeny v zložení binárnych reťazcov vzhľadom k ich fenotypu (fitness), to znamená, že tento typ entropie nepostihuje neutrálne mutácie. Druhý typ entropie, **genotypová entropia**, je veľmi citlivá na každé zmeny v chemostate, včítane aj neutrálnych mutácií. Preto súčasné sledovanie oboch entropií v priebehu evolúcie nám umožňuje odlíšenie medzi neutrálnymi a inými mutáciami na evolučnej trajektórii chemostatu.

(8) V evolúcii neexistuje zámer, ktorý by ju riadil smerom k požadovanému cieľu. Ako bolo uvedené v predchádzajúcej časti tejto práce, fitness replikátorov odráža aktuálny stav replikátorov, ich aktuálnu schopnosť vstupovať do reprodukčného procesu a prežívať v populácii. Môžeme povedať, že Darwinova evolúcia je oportunistická, kde rekurzívne obnovovanie populácie je založené len na parametroch aktuálnej populácie. Táto skutočnosť platí len v ohraničenej miere v multiagentových systémoch, kde dochádza ku koevolúcii génov a mémov, ktoré môžeme charakterizovať ako určitý manuál na prežívanie v danom prostredí. V tomto momente môže dochádzať k určitému „kultúrnemu“ zámeru, ktorý môže ovplyvňovať fitness génov.

(9) *Aké sú limity chemostatového modelu?* Použitý tvar genotypu ako binárnych reťazcov a ich zobrazenie na fenotyp pomocou foldingu reprezentuje extrémne jednoduchý model živých organizmov, ktorý postihuje také jednoduché živé organizmy, akými sú vírusy, bakteriofágy a jednoduché prokaryotické baktérie. Zložitejšie organizmy model genotypu (a jeho zobrazenie na fenotyp) musia byť študované zložitejšími modelmi genotypu, ktoré majú premenlivú dĺžku, hierarchickú štruktúru a iné možné mutácie, ako sú použité 1-bitové mutácie. Jeden z najdôležitejších problémov súčasnej teórie Darwinovej evolúcie je vysvetlenie vzniku tzv. „*neredukovateľných zložitostí*“ [4]. Tento model nie je schopný vysvetliť tento problém ani na elementárnej úrovni. Moderné snahy v „umelom živote“ sú sústredené do oblastí, ktoré sú potenciálne dôležité pre tvorbu všeobecnejšej teórie darwinovej evolúcie, ktorá už v nejakej miere bude postihovať tvorbu neredukovateľných zložitostí. Intenzívne sú študované modálne aspekty genotypu [5,30,31,49] a taktiež aj modelovanie symbiôzy [29,49], oba tieto problémy už vyžadujú genotypy zložitejšieho tvaru, ako ten, ktorý bol použitý v našich simuláciách (lineárny reťazec symbolov konštantnej dĺžky).

Literatúra

- [1] Atkins, P. W.: *Physical Chemistry*. Oxford: Oxford University Press 1998.
- [2] Axelrod, R.: *The Evolution of Cooperation*. New York: Basic Books 1984.
- [3] Banzhaf, W., Dittrich, P., Eller, B.: Topological Interactions in a Binary String System. *Physica D* **125** (1999) 85-104.
- [4] Behe, M. J. : *Darwin's black box*. New York: Simon & Schuster 1996 (existuje český preklad *Darwinova čierná skriňa*, Praha: Návrat domů 2001).
- [5] Callebout, W., Raskin-Gutman, D. (eds.): *Modularity: Understanding the development and evolution of complex natural systems*. Cambridge, MA.: MIT Press 2002.
- [6] Chomsky, N.: *Aspects of the Theory of Syntax*. Cambridge, MA: MIT Press 1965.
- [7] Darwin, C.: *Pôvod druhov*. Bratislava: Kalligram, 2006 (preložil Cedzo, R.).
- [8] Dawkins, R. : Universal Darwinism. In Bendall D. S. (ed.) *Evolution from Molecules to Men*. Cambridge University Press, London, 1982, pp. 403 -425.
- [9] Dawkins, R.: *The Blind Watchmaker*. London and New York: Penguin Books 1988 (existuje český preklad: *Slepý hodinář*. Praha: Paseka 2002).
- [10] Dawkins, R.: *The Selfish Gene*. Oxford, UK: Oxford University Press 1976 (existuje český preklad: *Sobecký gen*. Praha: Mladá Fronta 2003).
- [11] Dennett, D. C. : *Darwin's Dangerous Idea - Evolution and the Meaning of Life*. London: Penguin Press 1995.
- [12] Dittrich, P.: *Artificial Chemistries* (tutorial material). A tutorial held at *ECAL'99*, 13-17 September 1999, Lausanne, Switzerland.
- [13] Eigen, M. : Self organization of matter and the evolution of biological macro molecules. *Naturwissenschaften* **58** (1971) 465-523.
- [14] Eigen, M., Schuster, P.: The Hypercycles: A Principle of Natural Evolution. *Naturwissenschaften* **64** (1977) 541-565; **65** (1978) 7-41; **65** (1978) 341-369.
- [15] Fogel, D. B.: *Evolutionary Computation. Toward a New Philosophy of Machine Intelligence*. New York: The IEEE Press 1995.
- [16] Fontana, W. and Schuster, P.: Continuity in Evolution: On the Nature of Transitions. *Science* **280** (1998) 1451-1455.
- [17] Fontana, W. and Schuster P.: A computer model of evolutionary optimization. *Biophysical Chemistry* **26** (1987) 123-147.
- [18] Fontana, W., Schnabl, W., Schuster, P.: Physical aspects of evolutionary optimization and adaptation. *Physical Review A* **40** (1989) 3301-3321.
- [19] Fontana, W.: Algorithmic Chemistry. In: Langton C.G. (ed.) *Artificial Life II* Reading, MA: Addison Wesley 1992, pp. 159- 210.

- [20] Fontana, W.: Pulling Strings. *Science* **314** (2006) 1552-1553.
- [21] Gálik, D.: Univezálny darvinizmus (Môže byť darvinizmus teóriou všetkého), Zborník *Kognitívne vedy III (CogSci 2000)*, Katedra matematiky CHTF STU, Bratislava (prednáška je dostupná na internetovskej adrese http://math.chtf.stuba.sk/CogSci_2000.html).
- [22] Gálik, D.: Univerzálna teória evolúcie a problém mémov. In Nosek, J. (ed.), *Memy ve vědě a filosofii*. Praha: Filosofia 2004, pp. 133-146.
- [23] Gillespie, D. T.: Exact Stochastic Simulation of Coupled Chemical Reactions. *J. Phys. Chem.* **81** (1977) 2340- 2361.
- [24] Hardin, G.: The Tragedy of the Commons. *Science* **162** (1968) 1243-1248.
- [25] Holland, J. H.: *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. Ann Arbor: University of Michigan Press 1975.
- [26] Jacob, F.: *The Possible & The Actual*. New York: Pantheon Books 1982 (existuje český preklad: *Hra s možnosťami*. Praha: Karolinum 1999)
- [27] Kauffman, S. A. : *The Origins of Order: Self-Organization and Selection in Evolution*. New York: Oxford University Press 1993.
- [28] Kauffman, S.A., Hohnsen, S.: Coevolution to the edge of chaos: Coupled fitness landscape, poised states, and coevolutionary avalanches. *J. Theor. Biology* **149** (1991) 467-506.
- [29] Kvasnička, V.: An evolutionary model of symbiosis. In: P. Sinčák, J.Vasčák (eds.): *Quo Vadis Computational Intelligence?* Physica-Verlag, Heidelberg, 2000, p. 293-304.
- [30] Kvasnička, V.: An evolutionary simulation of modularity emergence of genotype-phenotype mappings. *Neural Network World* **5** (2001) 473- 491.
- [31] Kvasnička, V.: A modularity emergence of genotype-phenotype mappings. *Artificial Life* **8** (2002) 295-310.
- [32] Kvasnička, V., Pospíchal, J.: A study of autoreplicators and hypercycles by typogenetics. In: Kelemen, J., Sosik, P.: *Advances in Artificial Life, ECAL 2001*, LNAI 2159, Springer 2001, pp. 37-54.
- [33] Kvasnička, V., Pospíchal, J.: Autoreplicators and Hypercycles in Typogenetics, *Journal of Molecular Structure (Theochem)* **547** (2001) 119- 138.
- [34] Kvasnička, V.: Artificial Chemistry, Replicators, and Molecular Darwinian Evolution *In Silico*. In: P. Sinčák, J.Vasčák (eds.): *Machine Intelligence, Quo Vadis?* Heidelberg: Physica-Verlag 2002, pp. 403-425.
- [35] Kvasnička, V., Pospíchal, J.: Artificial Chemistry and Molecular Darwinian Evolution in silico. *Collection of Czechoslovak Chemical Communication.* **68** (2003) 139-177.
- [36] Kvasnička, V., Pospíchal, J.: Artificial Chemistry and Replicator Theory of Coevolution of Genes and Memes. *Collection of Czechoslovak Chemical Communication.* **72** (2007) 223-251.
- [37] Kvasnička, V., Pospíchal, J., Tiňo, J.: *Evolučné algoritmy*. Bratislava: Vydavateľstvo STU 2000.
- [38] Kvasnička, V., Pospíchal, J.: A Multi-agent Study of Interethnic Cooperation. In *Multi-Agent Systems and Applications*, LNCS, Vol. 2086. Berlin: Springer Verlag 2001, pp. 415-435.
- [39] Maynard Smith, J.: *Evolution and the Theory of Games*. Oxford, UK: Oxford University Press 1982.
- [40] Mayr, E.: *Towards a New Philosophy of Biology*. Cambridge, MA: Harvard University Press 1988.
- [41] Medveď, M.: *Dynamické systémy*. Bratislava: Veda 1988.
- [42] Monod, J.: *Chance and Necessity. An Essay on the Natural Philosophy of Modern Biology*. New York: Vintage 2000 (existuje český preklad: *Náhoda a nutnosť*, Praha: vydav. Pavel Mervart 2008)
- [43] Newman, M. E. J., Engelhardt, R.: Effects of neutral selection on the evolution of molecular species. *Proc. Roy. Soc. London B* **265** (1998) 1333- 1338.
- [44] Paley, W.: *Natural Theology*, with an introduction and notes by Eddy, M. D. and Knight, D. M., London and Oxford: Oxford University Press 2006.

- [45] Schuster, P.: Molecular Insight into Evolution of Phenotypes. In Crutchfield, J.P. and Schuster, P. (eds.): *Evolutionary Dynamics - Exploring the Interplay of Accident, Selection, Neutrality, and Function*. Oxford: Oxford University Press 2002.
- [46] Schuster, P., Fontana, W.: Chance and Necessity in Evolution: Lessons from RNA. *Physica D* **133** (1999) 427-452.
- [47] Spiegelman, S.: An Approach to the Experimental Analysis of Precellular Evolution. *Quart. Rev. Biophysics* **4** (1971) 213-253.
- [48] Tomáška, L., Nosek, J.: Molekulárna darwinovská evolúcia: In vivo, in vitro a in silico. Zborník *Kognitívne vedy III (CogSci 2000)*, Katedra matematiky CHTF STU, Bratislava (prednáška je dostupná na internetovskej adrese http://math.chtf.stuba.sk/CogSci_2000.htm).
- [49] Watson, A. R.: *Compositional Evolution. The Impact of Sex, Symbiosis, and Modularity on the Gradualist Framework of Evolution*. Cambridge, MA: MIT Press 2006.
- [50] Waterman, M. S.: *Introduction to Computational Biology. Maps, sequences and genomes*. New York: Chapman & Hall / CRC, 1995.
- [51] Wright, S.: The Roles of Mutation, Inbreeding, Crossbreeding, and Selection in Evolution. *Proceedings of The Six International Congress of Genetics*, Vol. I, 1932, pp. 356-366. (Táto klasická publikácia je dostupná na <http://www.blackwellpublishing.com/ridley/classic texts/wright.pdf>).