

Physik der sozio-ökonomischen Systeme *mit dem Computer*

*JOHANN WOLFGANG GOETHE UNIVERSITÄT
16.12.2022*

MATTHIAS HANAUSKE

*FRANKFURT INSTITUTE FOR ADVANCED STUDIES
JOHANN WOLFGANG GOETHE UNIVERSITÄT
INSTITUT FÜR THEORETISCHE PHYSIK
ARBEITSGRUPPE RELATIVISTISCHE ASTROPHYSIK
D-60438 FRANKFURT AM MAIN
GERMANY*

9. Vorlesung

In diesem Semester (WS 2022/23)
findet die Vorlesung und die Übungstermine
in Präsenz (und auch Online) statt.

Plan für die heutige Vorlesung

- Kurze Wiederholung: Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk
- Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken
 - Spiele auf einem räumlichen Netzwerk (Spatial Games)
 - Dominante (2 x 2)-Spiele auf einem räumlichen Gitter
 - Räumliche Koordinations- und Anti-Koordinationsspiele
- Einführung in die Objekt-orientierte Programmierung

Inhalte Vorlesung 8

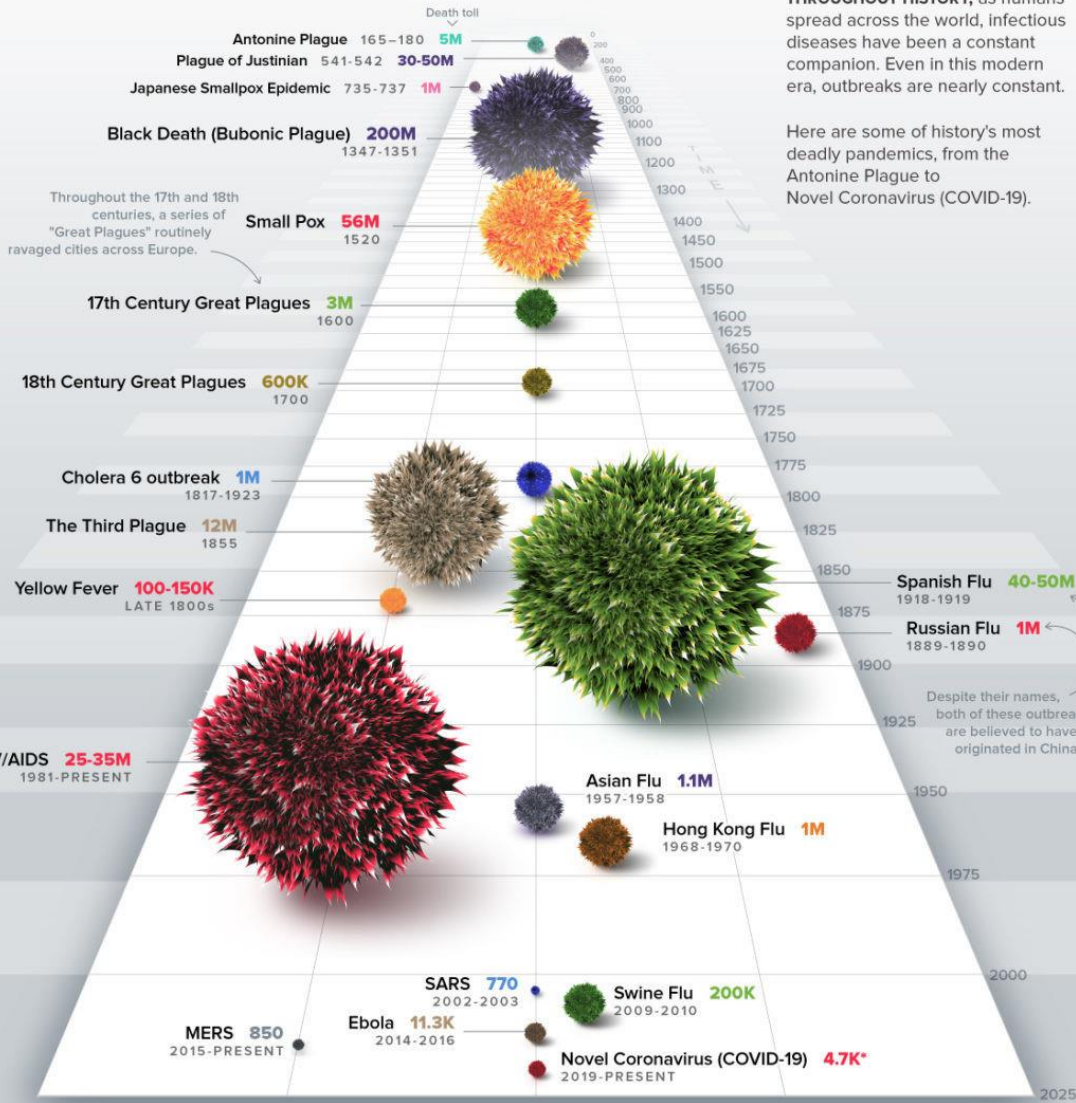
- Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk
 - Einführung in die Epidemiologie
 - Das deterministische SIR Modell
 - Simulationsbasierte Ansätze

HISTORY OF PANDEMICS

PAN-DEM-IC (of a disease) prevalent over a whole country or the world.

THROUGHOUT HISTORY, as humans spread across the world, infectious diseases have been a constant companion. Even in this modern era, outbreaks are nearly constant.

Here are some of history's most deadly pandemics, from the Antonine Plague to Novel Coronavirus (COVID-19).

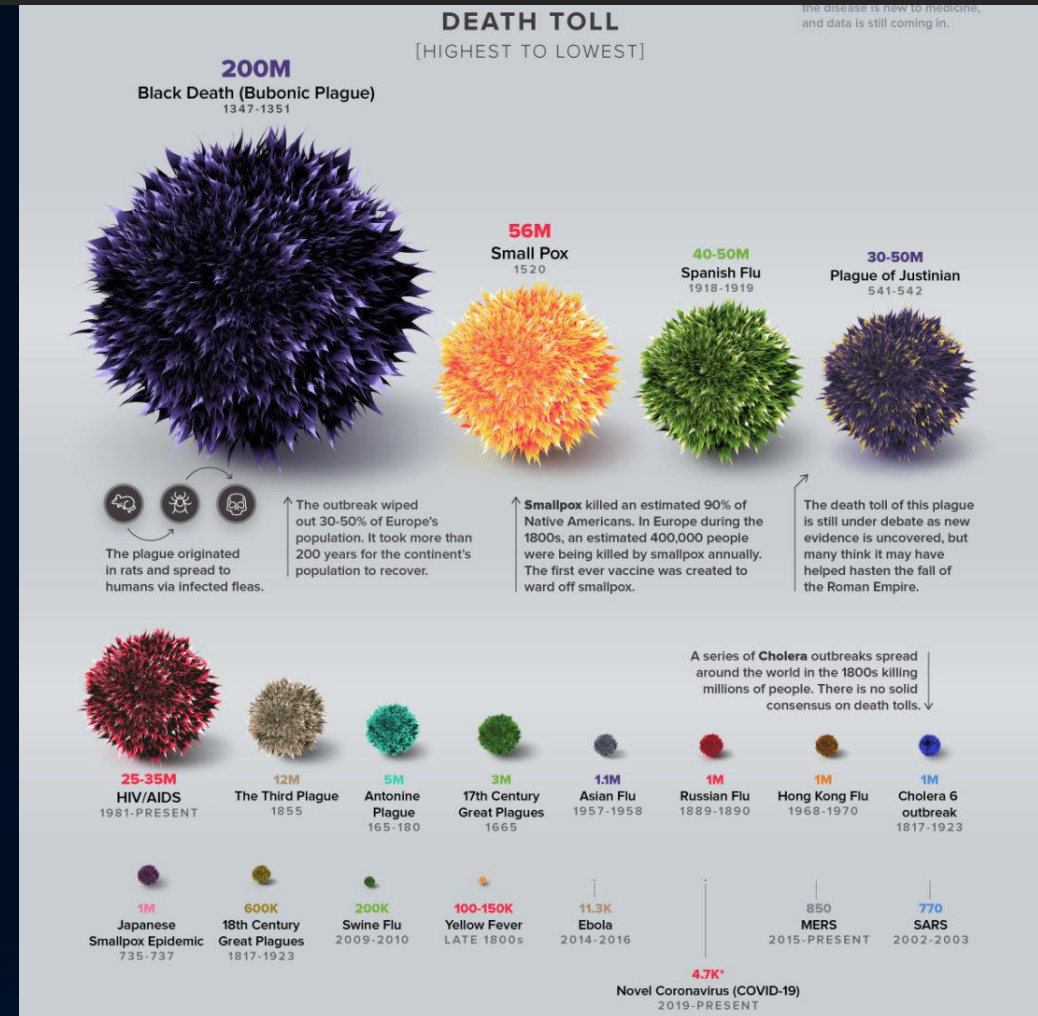


*As of Mar 11, officially a pandemic according to WHO
It is hard to calculate and forecast the impact of COVID-19 because the disease is new to medicine, and data is still coming in.

DEATH TOLL

Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk

Die Geschichte der Pandemien



Sources: CDC, WHO, BBC, Wikipedia, Historical records, Encyclopedia Britannica

Facebook: /visualcapitalist
YouTube: /visualcapitalist
Twitter: @visualcap
Instagram: @visualcap
LinkedIn: visualcapitalist.com

Allgemein: Ausbreitungsphänomene auf komplexen Netzwerken

Phenomena	Agent	Network
Venereal Disease	Pathogens	Sexual Network
Rumor Spreading	Information, Memes	Communication Network
Diffusion of Innovations	Ideas, Knowledge	Communication Network
Computer Viruses	Malwares, Digital viruses	Internet
Mobile Phone Virus	Mobile Viruses	Social Network/Proximity Network
Bedbugs	Parasitic Insects	Hotel - Traveler Network
Malaria	Plasmodium	Mosquito - Human network

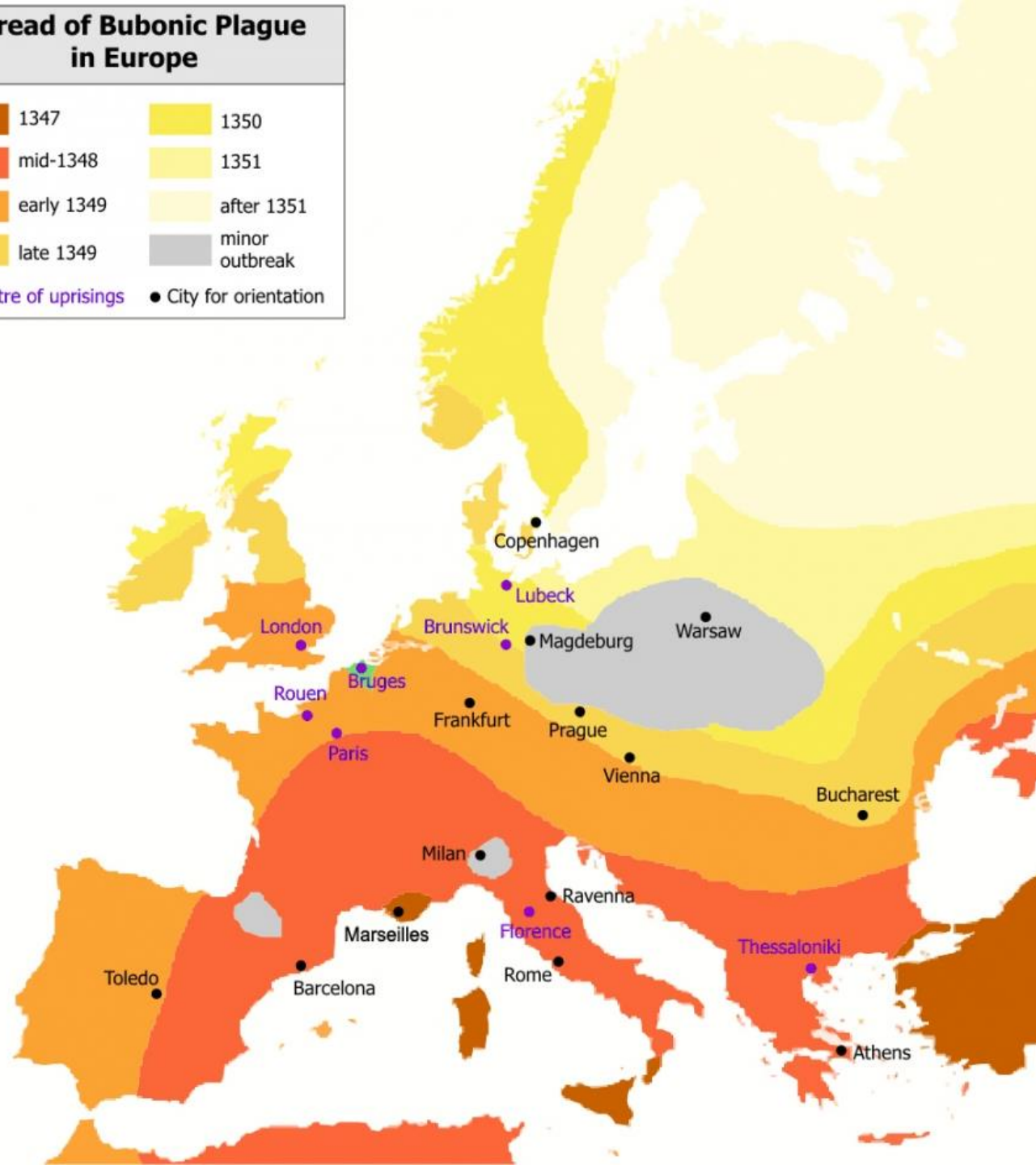
Table 10.1

Networks and Agents

The spread of a pathogen, a meme or a computer virus is determined by the network on which the agent spreads and the transmission mechanism of the responsible agent. The table lists several much studied spreading phenomena, together with the nature of the particular spreading agent and the network on which the agent spreads.

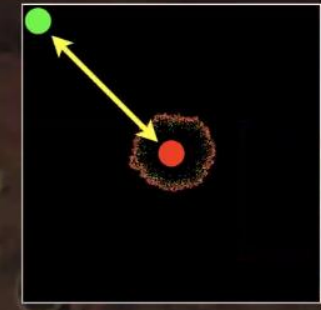
Spread of Bubonic Plague in Europe

- 1347
- mid-1348
- early 1349
- late 1349
- 1350
- 1351
- after 1351
- minor outbreak
- Centre of uprisings
- City for orientation



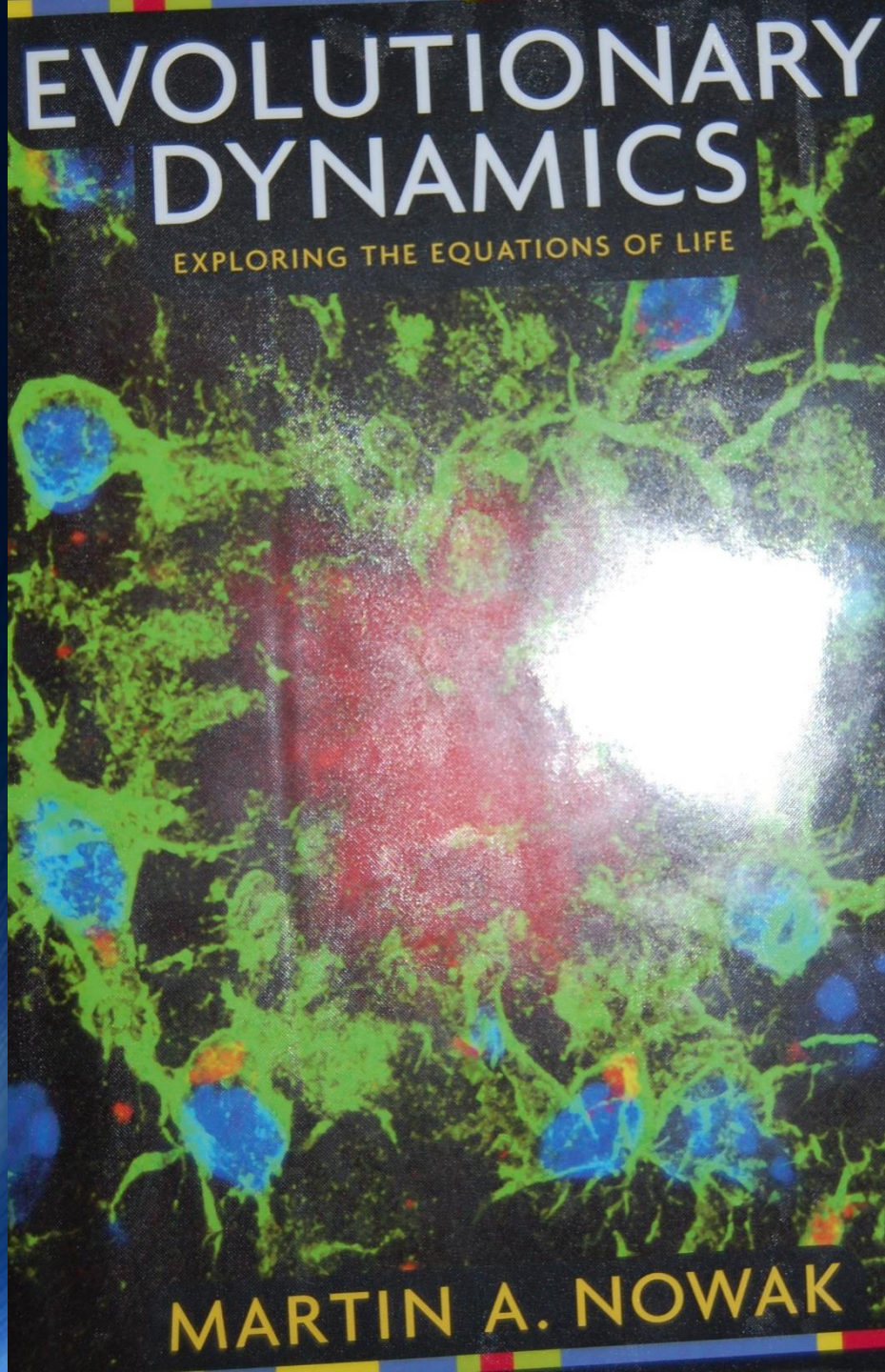
Ausbreitung der Beulenpest in den Jahren 1347-1351

Zoom Meeting
Streaming Service You are viewing dirk's screen View Options



Ausbreitung auf einem räumlichen Gitter-Netzwerk





Einführung in Teil III

Evolutionäre Spieltheorie
auf komplexen Netzwerken

Die folgenden Beispiele sind an das Kapitel 9 im
Buch M.A. Nowak „**Evolutionary Dynamics**“
(Kapitel 9: Spatial Games) angelehnt.

A **quasispecies** is a population of reproducing RNA or DNA molecules

ATCAGGACTCA	0000110011000110
ATC G GGACTCA	0000110011 1 00110
ATCAGGA A TCA	1 000110011000 0 10
...	...

4-nucleotide alphabet Binary alphabet

Figure 3.3 The ensemble of genomes of a natural population form a quasispecies: the genomes of different individuals are similar but not identical. Biology has chosen a four-letter alphabet consisting of the nucleotides A, T, C, and G for its genes. Most in silico evolution uses a binary alphabet for convenience. Sequence differences (mutations) are shown in red.

Evolution is **adaptation** of the **quasispecies** on the fitness landscape



Figure 3.5 Quasispecies love to climb mountains in high-dimensional spaces. The higher they get, the fitter they are. Adaptation means to go up.

The **quasispecies equation**

$$\dot{x}_i = \sum_{j=1}^n x_j f_j Q_{ji} - \phi(\vec{x}) x_i$$

Frequency of j Mutation from j to i
 Time derivative of frequency of i Fitness of j Average fitness
 $\phi(\vec{x}) = \sum_i f_i x_i$

Figure 3.4 The quasispecies equation, formulated by Manfred Eigen and Peter Schuster, is one of the most important equations in theoretical biology. It describes the mutation and selection of an infinitely large population on a constant fitness landscape.

Das Konzept der Quasi-Spezien (Ensemble von ähnlichen Genomen Sequenzen (Erbgut eines Lebewesens) welches durch einen Prozess der Mutation und Selektion entstanden ist) wurde von Manfred Eigen und Peter Schuster entwickelt. Die Struktur der Quasi-Spezien Differentialgleichung ist den Gleichungen der evolutionären Spieltheorie sehr ähnlich.

Populationsmodelle der epidemischen Ausbreitung

- Population-based models
 - Deterministic or stochastic
 - Continuous time
 - Ordinary differential equation
 - Partial differential equations
 - Delay differential equations
 - Integro-differential equations
 - Discrete time
 - Difference equations
- Agent-based/individual-based models
 - Usually stochastic



Spreading dynamics on networks: from social interactions to epidemics and pandemics

Fakhteh Ghanbarnejad
Sharif University of Technology, Tehran
<http://www.pks.mpg.de/~fakhteh>

18 March
DPG 2020, Online!

The book cover for 'Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals' by Matt A. Keeling and Pejman Rohani. The cover features a collage of images including a person's face, a globe, and a person's face with a rainbow overlay. The title is prominently displayed in the center.

Unmute

Chat Raise Hand Q&A

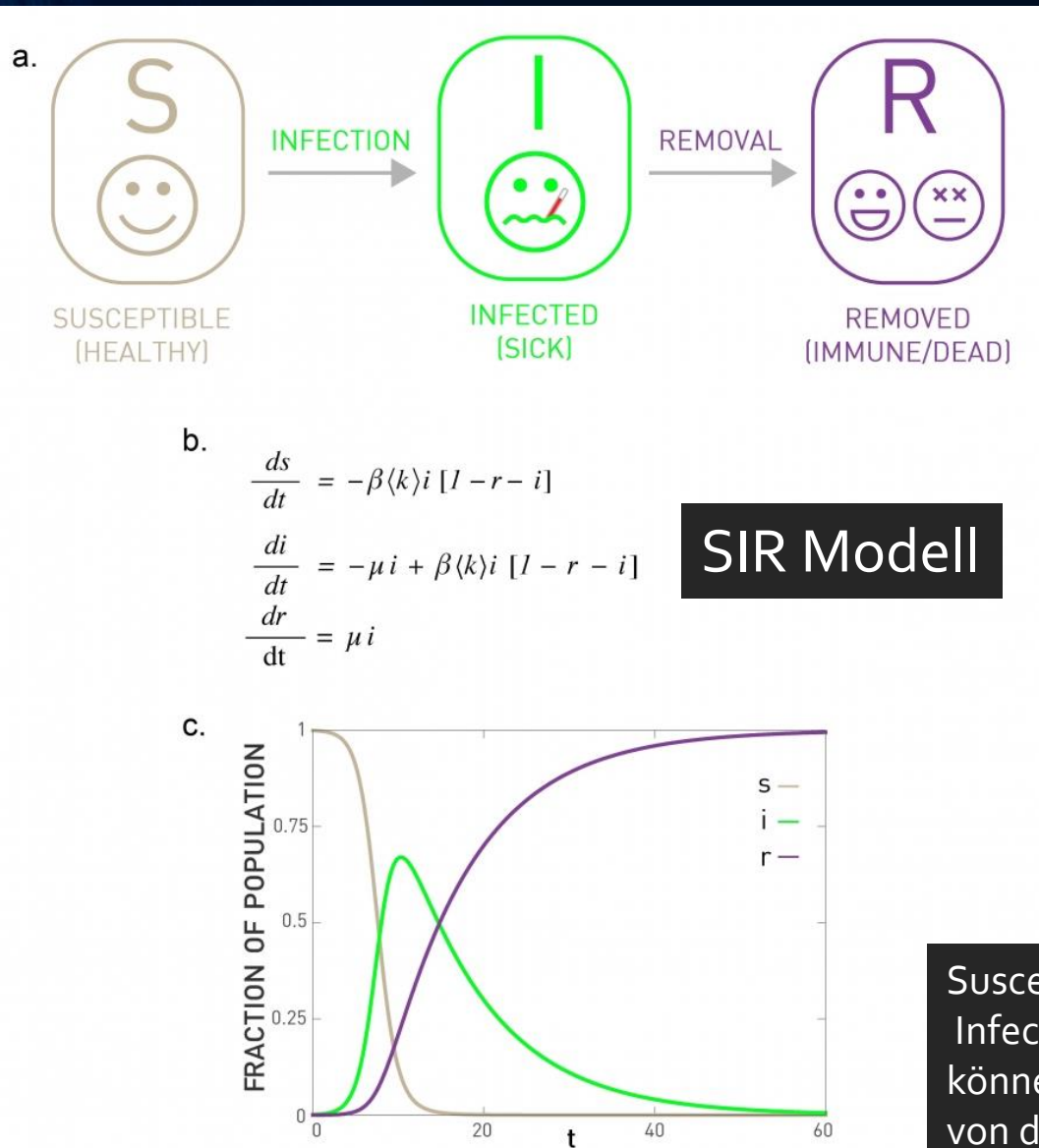
Fakhte

<http://www.modelinginfectiousdiseases.org/>

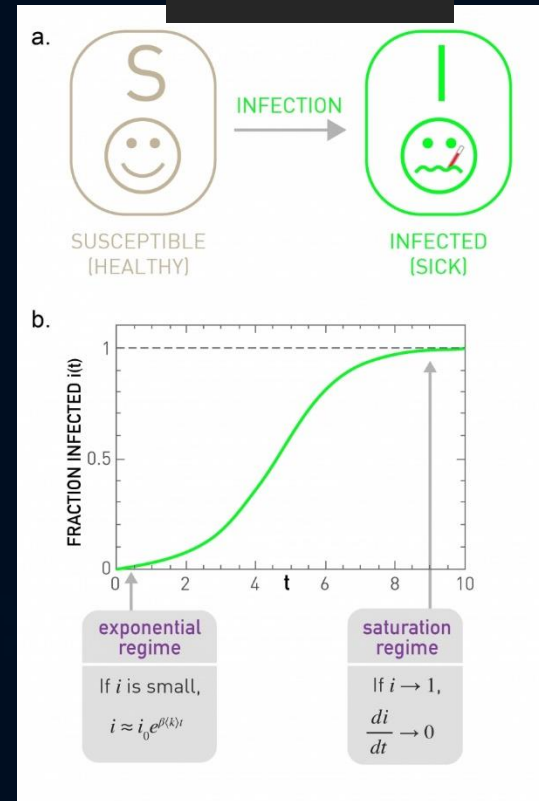
Deterministische Modelle der epidemischen Ausbreitung

Online-Buch 'Network Science' von Albert-Laszlo Barabasi,
Chapter 10: Spreading phenomena

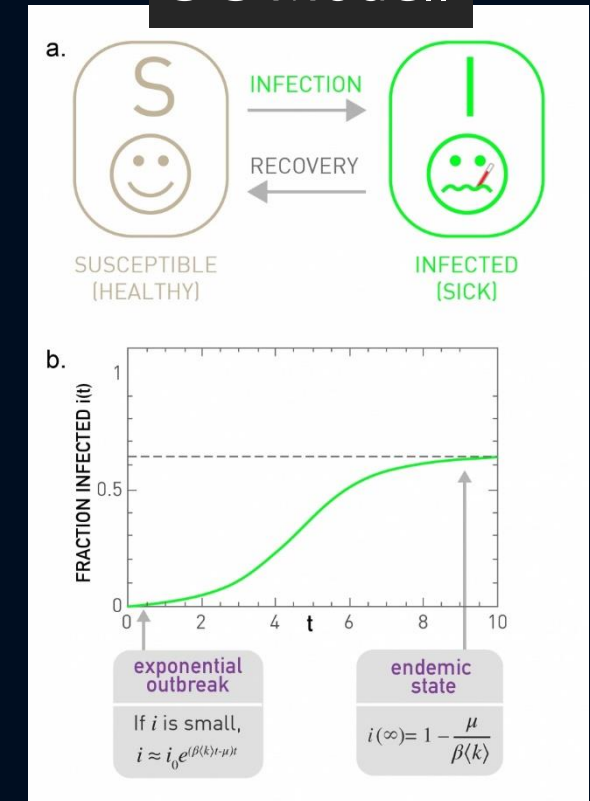
Die deterministischen Populationsmodelle der Epidemiologie basieren auf gewissen vereinfachten Grundannahmen.



SI Modell

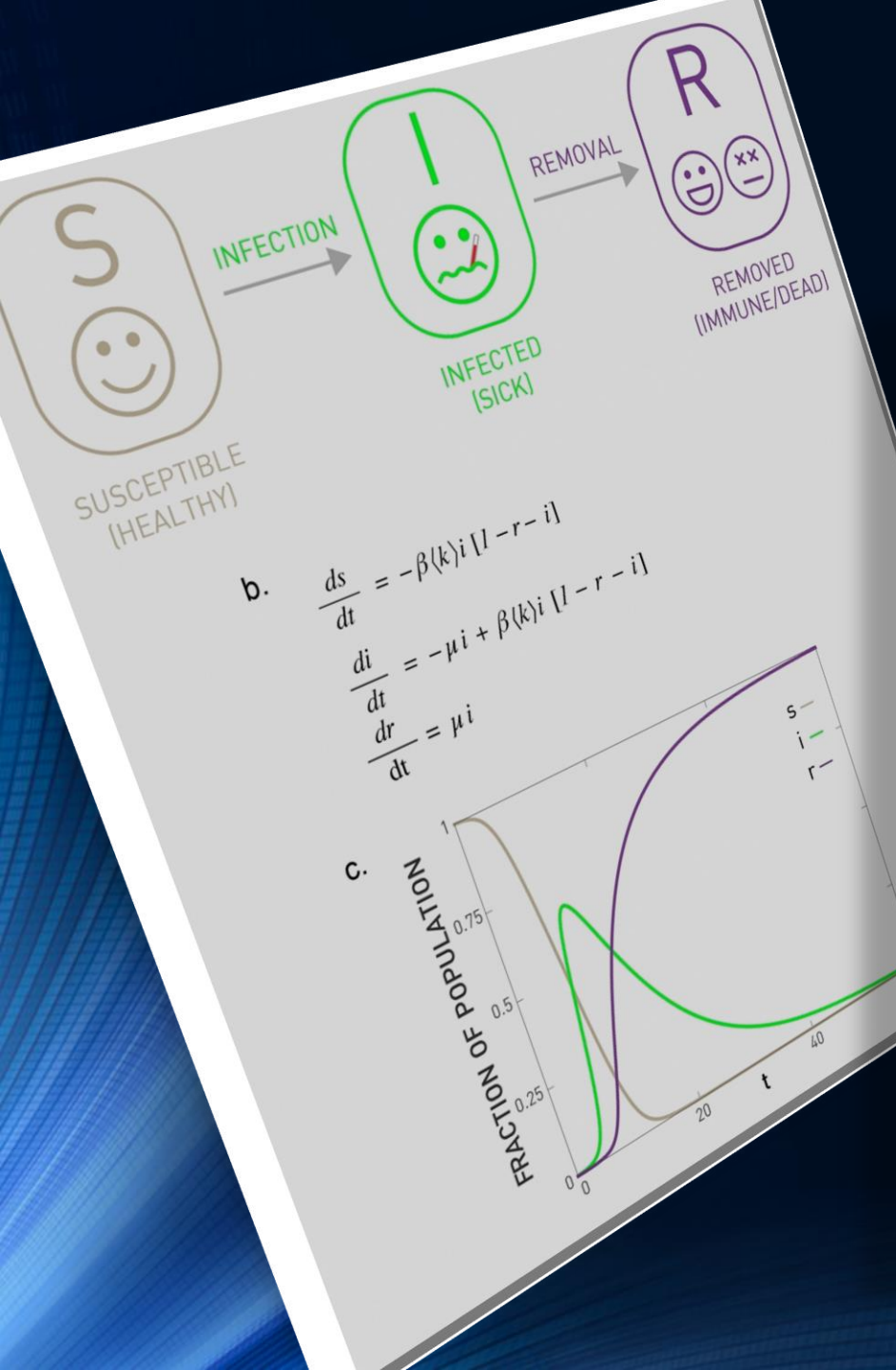


SIS Modell



Susceptible (S: Gesunde Personen, die mit dem Virus noch keinen Kontakt hatten)
 Infected (I: Infizierte Personen, die mit dem Virus Kontakt hatten und andere anstecken können),
 Recovered (Personen, die infiziert waren aber nicht mehr infektiös sind und sich von der Krankheit erholt haben),
 Removed (R: Recovered + gestorbene Personen)

Das deterministische SIR Modell



$$\frac{ds(t)}{dt} = - \underbrace{\beta \langle k \rangle i(t) \cdot s(t)}_{\text{pro } \Delta t \text{ neu Infizierte}}$$

$$\frac{di(t)}{dt} = - \underbrace{\mu i(t)}_{\text{pro } \Delta t \text{ Gen. und Gest.}} + \underbrace{\beta \langle k \rangle i(t) \cdot s(t)}_{\text{pro } \Delta t \text{ neu Infizierte}}$$

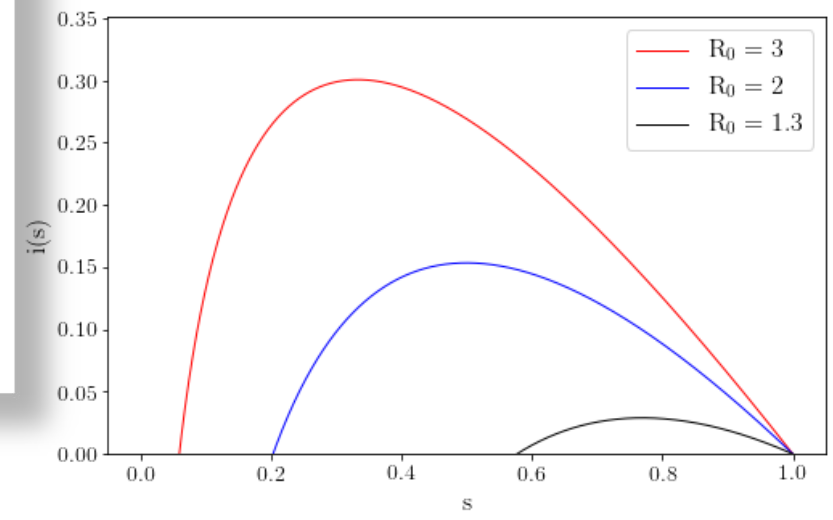
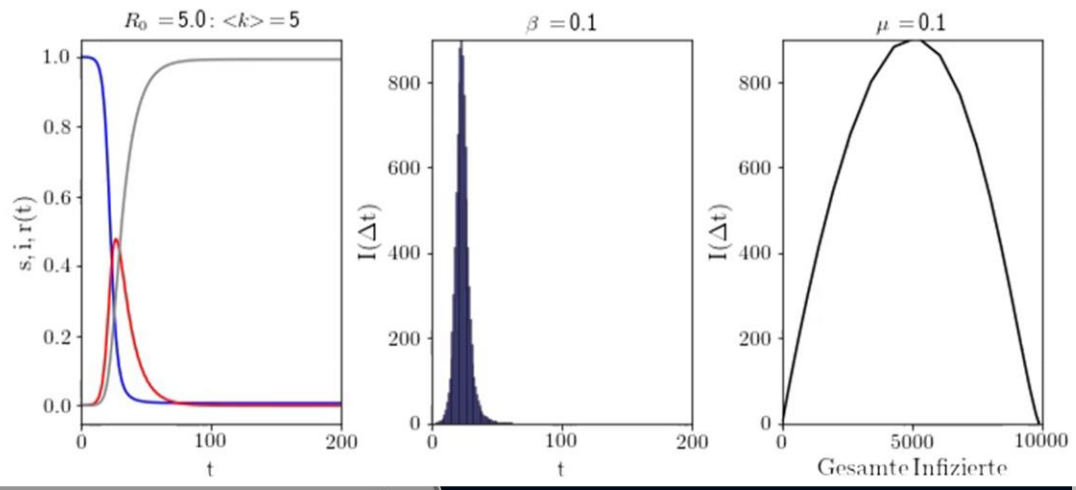
$$\frac{dr(t)}{dt} = \underbrace{\mu i(t)}_{\text{pro } \Delta t \text{ Genesene und Gestorbene}},$$

wobei $s(t) = \frac{S(t)}{N}$ der Anteil der noch nicht erkrankten Personen, $i(t) = \frac{I(t)}{N}$ der Anteil der infizierten Personen und $r(t) = \frac{R(t)}{N}$ der Anteil der genesenen und gestorbenen Personen darstellt.

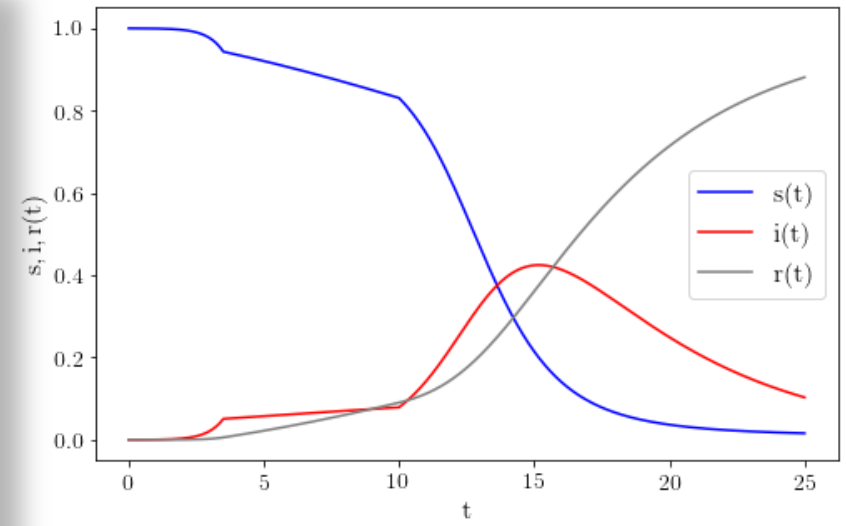
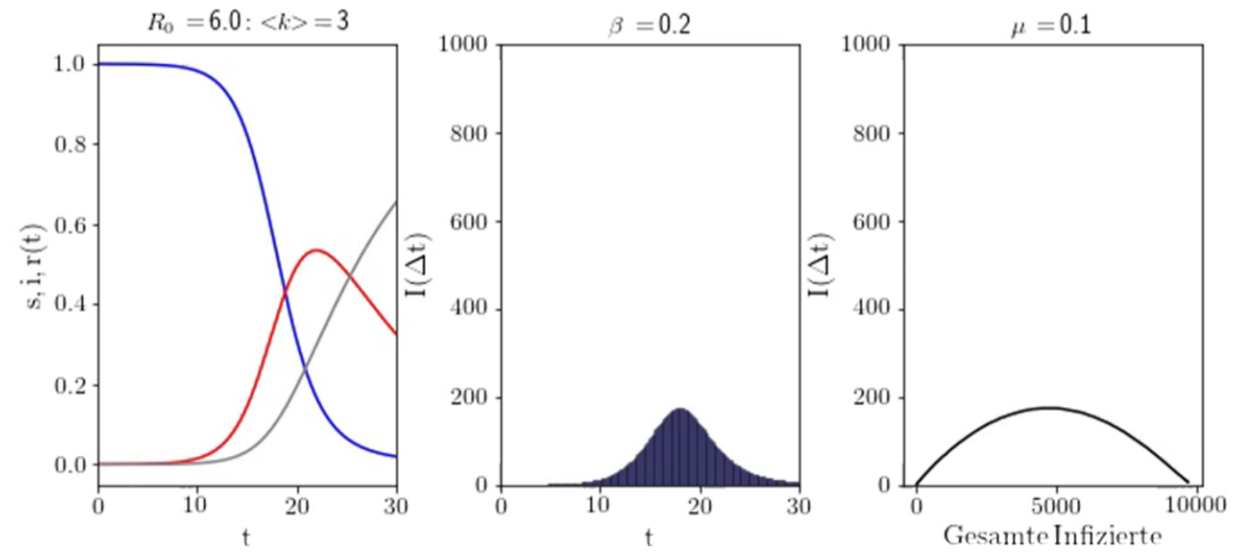
Physik der sozio-ökonomischen Systeme
 Physics of Socio-Economic Systems

Vorlesung gehalten an der J.W.Goethe-Universität in Frankfurt am Main
 von Dr.phil.nat. Dr.rer.pol. Matthias Hanauske
 (Wintersemester 2020/21)

Dritter Vorlesungsteil:
 Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk
 Das deterministische SIR Modell



Jupyter Notebook: Das deterministische SIR Modell



Simulationsbasierte, Stochastische Modelle

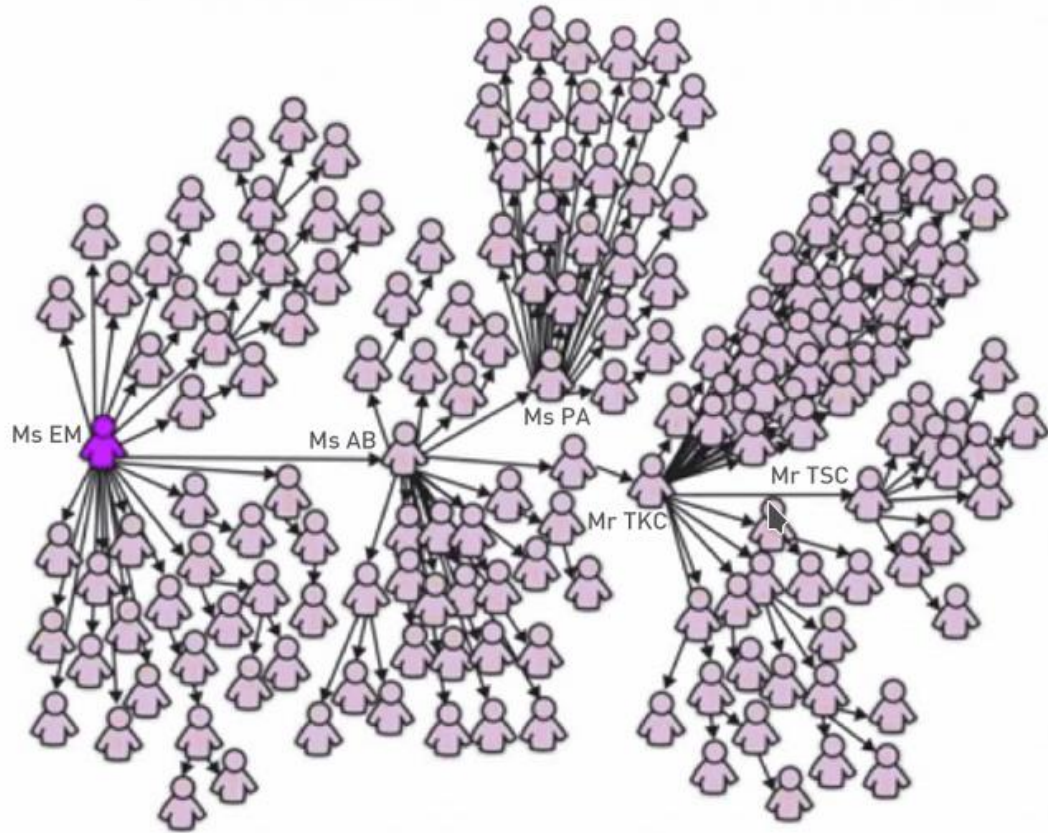


Image 10.1

Super-spreaders

One-hundred-and-forty-four of the 206 SARS patients diagnosed in Singapore were traced to a chain of five individuals that included four *super-spreaders*. The most important of these was *Patient Zero*, the physician from Guangdong Province in China, who brought the disease to the Metropole Hotel. After [1].

Eine bedeutende Einschränkung des deterministischen SIR-Modells der Virusausbreitung ist die im Modell angenommene vereinfachte Kontakt-Netzwerkstruktur der das Virus verbreitenden Personen. Die Ausbreitung eines Krankheitserregers (z.B. Covid-19 Virus), eines Computervirus im Internet oder eines Gerüchts ("Fake-News") in einem sozialen Netzwerk hängt jedoch stark von der Topologie des zugrundeliegenden komplexen Netzwerkes ab.

Die Grundhypothesen des SIR Modells sind in der Realität nicht erfüllt und beobachtbare Effekte, wie z.B. das Super-Spreader Phänomen, können durch das SIR-Modell nicht beschrieben werden.

Simulationsbasierte Modelle berechnen hingegen die Ausbreitung eines Krankheitserregers auf einer komplexen Netzwerkstruktur, wobei die einzelnen Personen in ihrem Mobilitäts- und Kontakt-Netzwerk eingebettet sind.

Simulationsbasierte, Stochastische Modelle

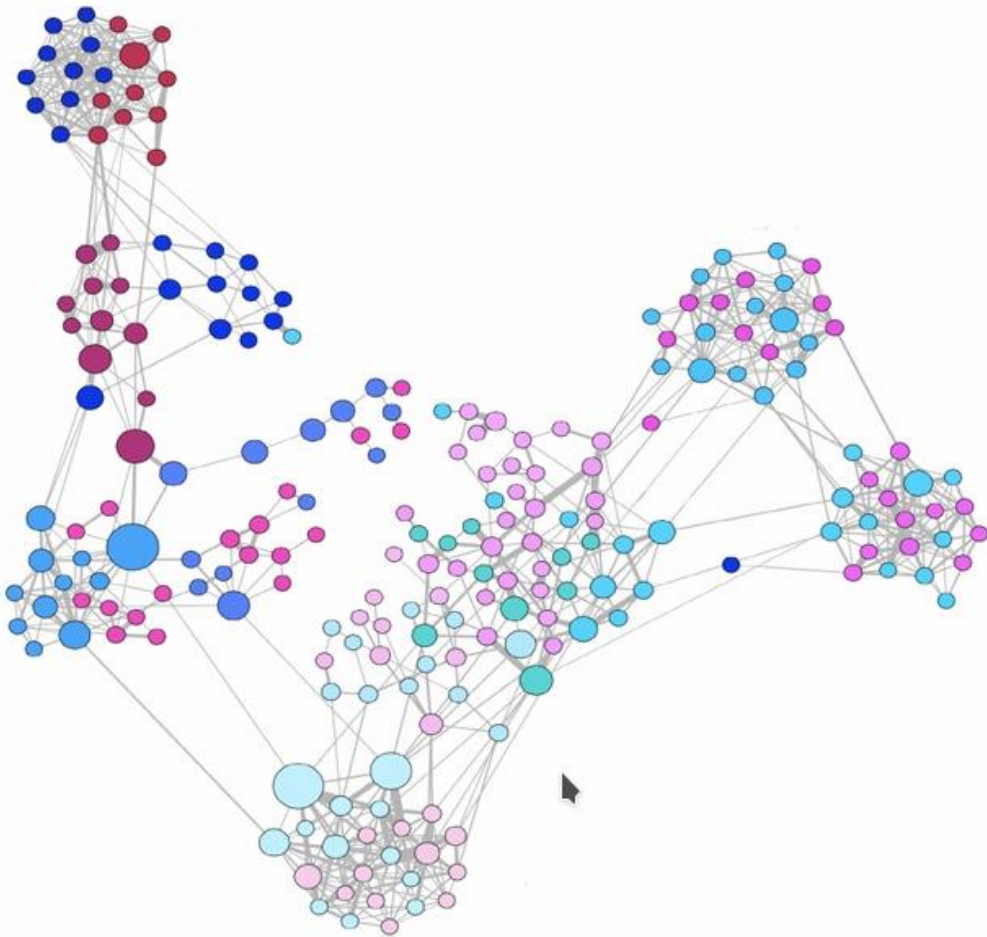


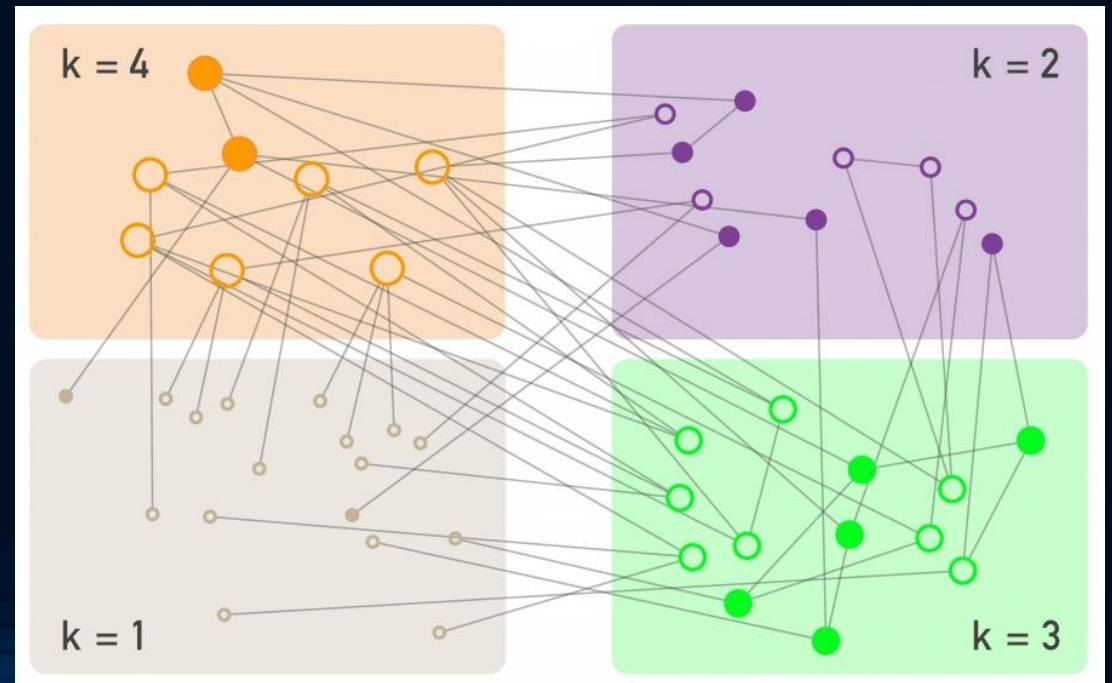
Image 10.16

A Face-to-face Interactions

A face-to-face contact network mapped out using RFA tags, capturing interactions between 232 students and 10 teachers across 10 classes in a school [31]. The structure of the maps obtained by RFID tags depend on the context in which they are collected. For example the school network shown here reveals the presence of clear communities. In contrast, a study capturing the interactions between individuals that visited a museum reveal an almost linear network [29]. Finally, a network of attendees of a small conference is rather dense, as most participants interact with most others [29]. After [31].

Eine der die Ausbreitung am stärksten bestimmende Größe ist die zugrundeliegende Kontakt-Netzwerkstruktur der das Virus verbreitenden Personen.

In den simulationsbasierten Modellen kann man die Auswirkungen der Topologie des Kontakt-Netzwerks studieren. Die Verteilungsfunktion der Knotengrade spielt hierbei wieder eine bedeutende Rolle und kann mittels der 'degree block'-Approximation analysiert werden (siehe Image 10.9 in [Chapter 10: Spreading phenomena](#)).



Jupyter Notebook: Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk *Simulationsbasierte Lösungen*

Computer

Physik der sozio-ökonomischen Systeme
(Physics of Socio-Economic Systems with the Computer)

Vorlesung gehalten an der J.W.Goethe-Universität in Frankfurt am Main

(Wintersemester 2020/21)

von Dr.phil.nat. Dr.rer.pol. Matthias Hanauske

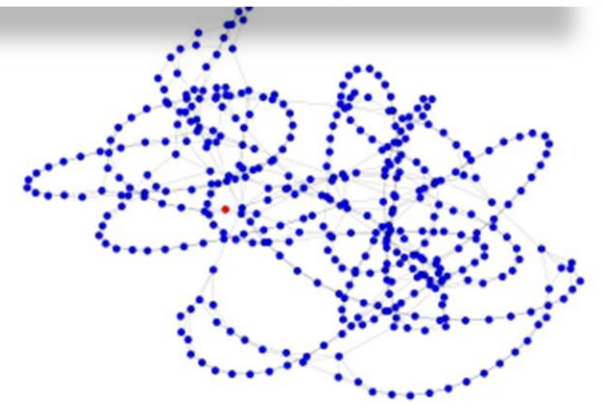
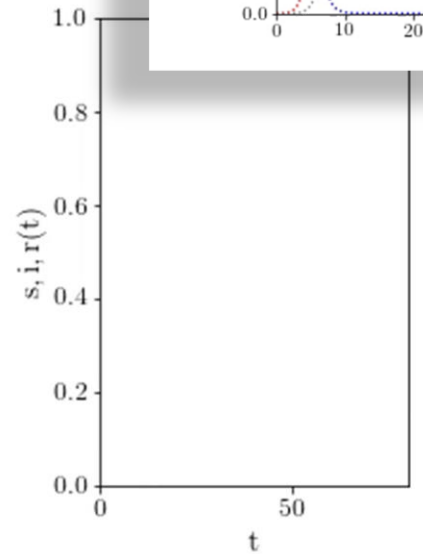
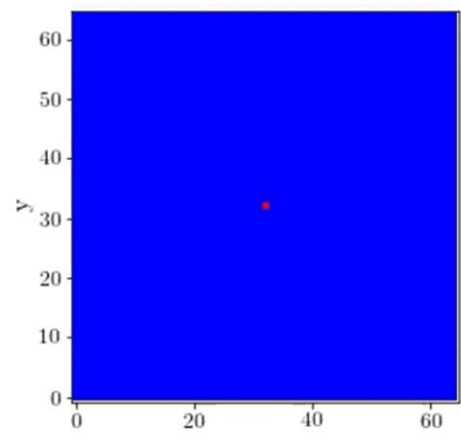
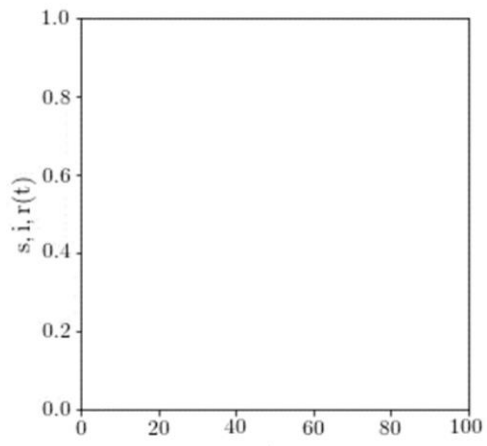
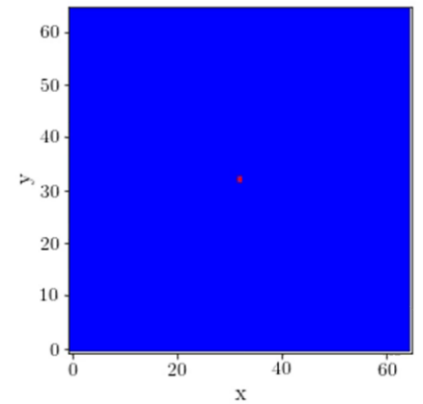
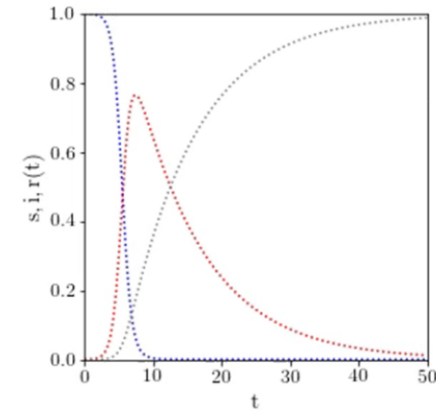
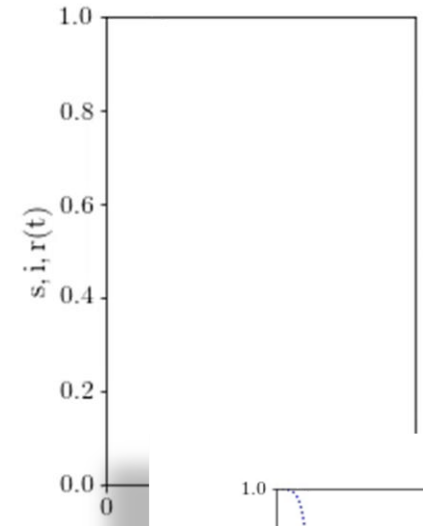
Frankfurt am Main 31.12.2020

Zweiter Vorlesungsteil:

Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk

Simulationsbasierte Lösungen

vereinfachte Kontakt-
modell der Virusausbreitung ist die im Modell angenommene
Krankheitserregers (z.B. Covid-19 Virus)
Technologie des zugrundeliegenden



Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken

Viele in der Realität vorkommende evolutionäre Spiele werden auf einer definierten Netzwerkstruktur (Topologie) gespielt. Die Spieler der betrachteten Population sind hierbei nicht gleichwertig, sondern wählen als Spielpartner nur mit ihnen durch das Netzwerk verlinkte (verbundene) Partner aus.

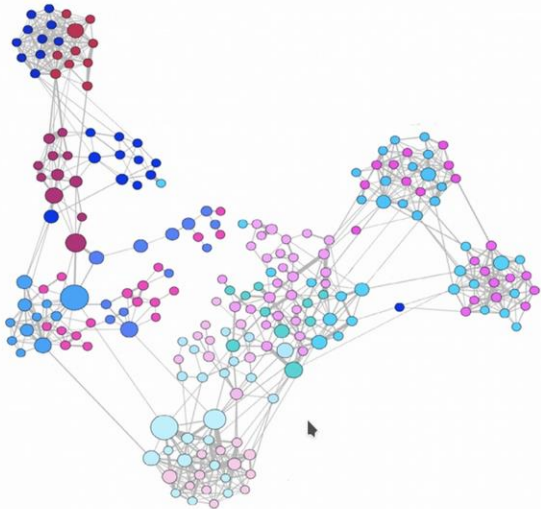
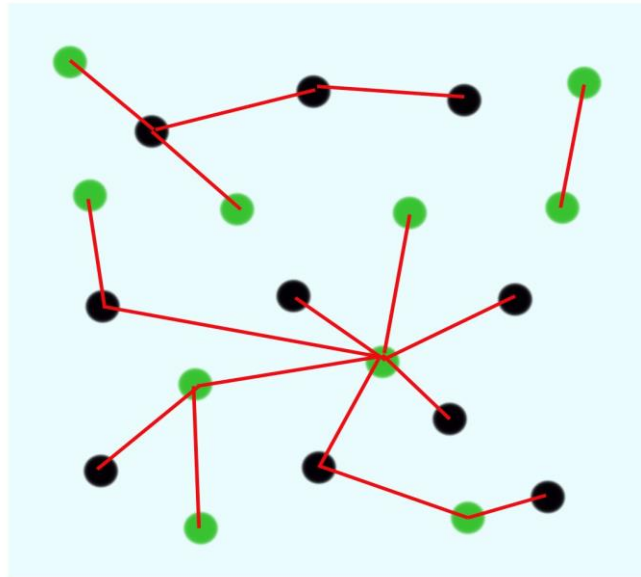


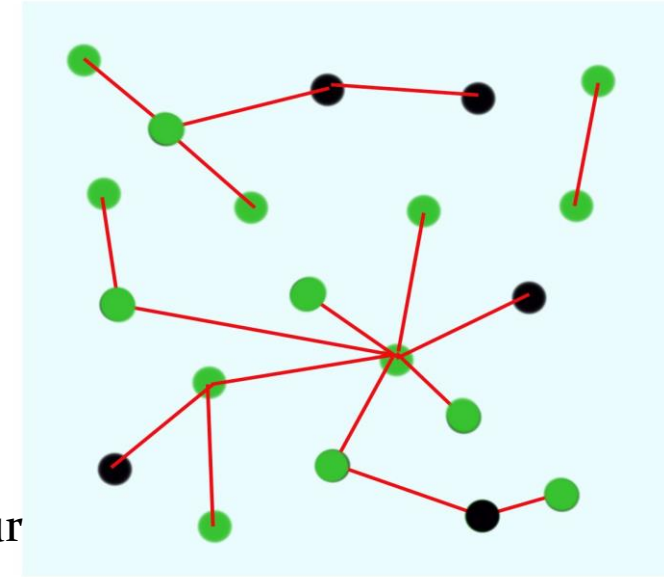
image 10.16
A Face-to-face Interactions
A face-to-face contact network mapped out using RFA tags, capturing interactions between 232 students and 10 teachers across 10 classes in a school [31]. The structure of the maps obtained by RFID tags depend on the context in which they are collected. For example the school network shown here reveals the presence of clear communities. In contrast, a study capturing the interactions between individuals that visited a museum reveal an almost linear network [29]. Finally, a network of attendees of a small conference is rather dense, as most participants interact with most others [29]. After [31].



$$x(0)=0.5$$



zeitliche
Entwicklung
der
Population auf
vorgegebener
Netzwerkstruktur



$$x(10)=0.75$$

Mögliche Strategien: (grün , schwarz), Parameter t stellt die „Zeit“ dar.
 $x(t)$: Anteil der Spieler, die im Zeitpunkt t die Strategie „grün“ spielen.
Die roten Verbindungslinien beschreiben die möglichen Spielpartner des Spielers

Wozu?

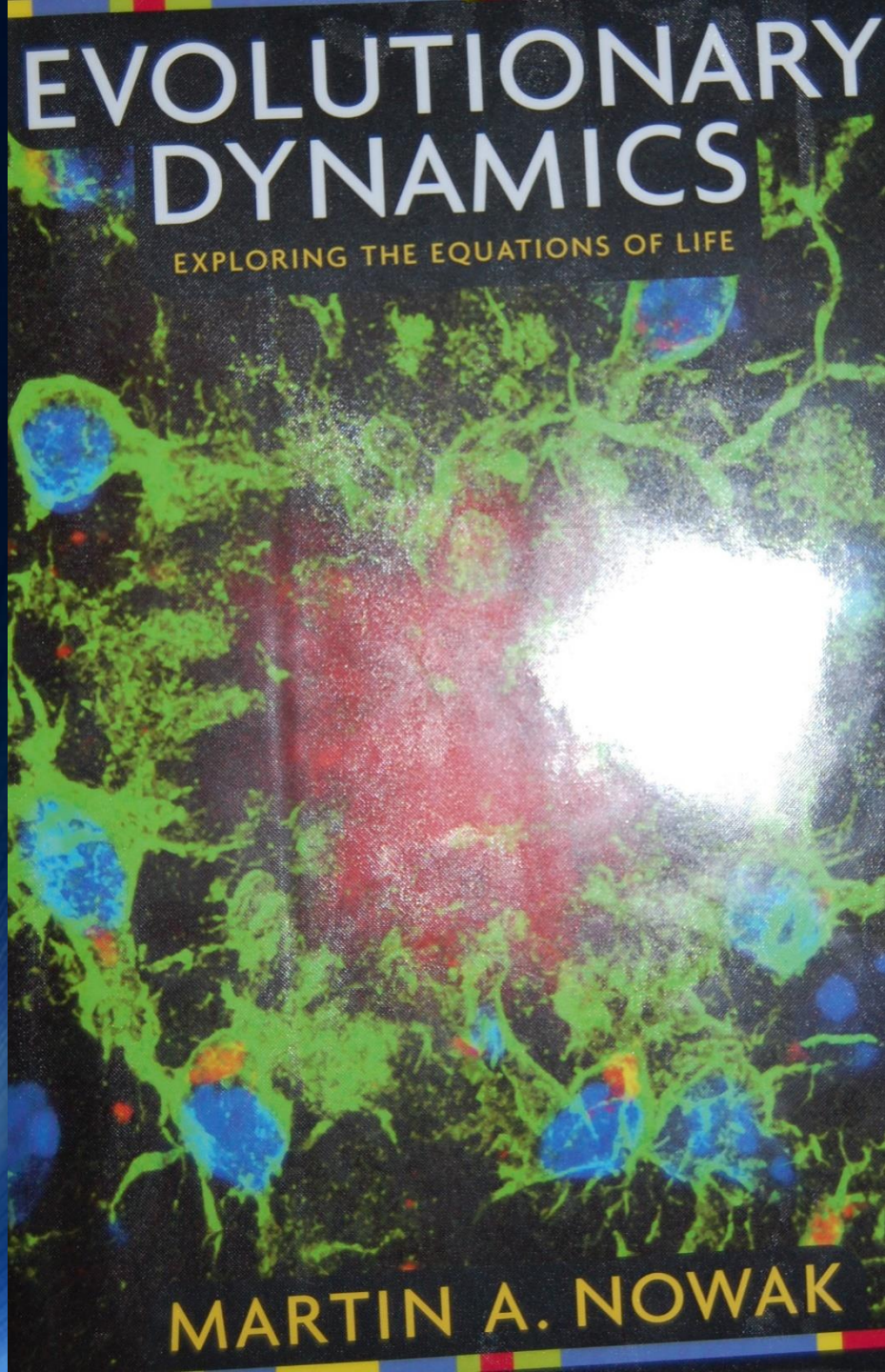
Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken

Die **deterministische evolutionäre Spieltheorie** und die Differentialgleichung der Replikatordynamik benutzen ähnliche Annahmen wie das **deterministische SIR-Modell** der Ausbreitung eines Krankheitserregers auf einem komplexen Netzwerk. Beide mathematischen Modelle beschreiben betrachten das zu untersuchende System aus einer Art gemittelten Sichtweise und beschreiben es durch die kontinuierliche Populationsfunktionen, die Ihrerseits deterministischen Differentialgleichungen folgen. Die nötigen Voraussetzungen einer solchen Beschreibung sind hierbei die folgenden:

- Jedes Individuum der Population kann mit jedem anderen in Kontakt treten, bzw. Jeder Spieler der Population kann mit jedem anderen das zugrundeliegende Spiel spielen
- Die Anzahl der Individuen/Spieler der Population ist unendlich groß

In dem, in dieser Vorlesung dargestellten Jupyter Notebook „Ausbreitung eines Virus auf einem komplexen Netzwerk (*Simulationsbasierte Lösungen*)“, hatten wir gesehen, wie eine Agentenbasierte Simulation des deterministischen SIR-Modells aussieht und inwieweit die simulierten Ergebnisse mit den Vorhersagen des mathematischen Modells übereinstimmen. Zusammenfassend ist hierbei festzuhalten, dass allein im Limes eines sehr großen, vollständig verbundenem Netzwerks, die Vorhersagen der deterministischen Populationsmodelle mit den Simulationsergebnissen übereinstimmen.

Das Versagen der deterministischen Modelle zur Beschreibung eines realen Systems, zeigte sich in deutlicher Weise während der Covid-Pandemie. Eine **Physik der sozio-ökonomischen Systeme**, deren Zweck darin besteht real-existierende Vorgänge zu beschreiben und zu analysieren, um so die zukünftige Entwicklung eines Populationsverhaltens vorhersagen zu können, ist somit auf simulationsbasierte Ansätze unter Verwendung komplexer Netzwerke angewiesen. Jedoch versagten auch die meisten simulationsbasierten Modelle, da das reale Verhalten der Population komplizierter ist. So änderte sich z.B. das Kontaktnetzwerk nicht nur allein durch die verordnete Kontaktbeschränkung, sondern auch durch die mediale Verbreitung einer hohen Gefahr der Ansteckung. Die Rolle der Medien (beschränkte/selektive Informationsausbreitung), und als Folge die Gruppenbildung (siehe „Formation of Communities“) und die mit ihr einhergehende „Parallelweltbild-Entstehung“ innerhalb der Sub- Communities (z.B. „Medienkritische-Gruppe“ vs. „Medienkonforme-Gruppe“) sind nur einige Beispiele der komplexen Realität.



Einführung in Teil III

Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken

Die folgenden Beispiele sind an das Kapitel 9 im Buch M.A. Nowak „**Evolutionary Dynamics**“ (Kapitel 9: Spatial Games) angelehnt.

Viele der in diesem Unterkapitel behandelten Systeme sind dem Buch Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life, 2006 entnommen, welches eine sehr gute und allgemein verständliche Einführung in das Themengebiet der evolutionären Dynamik darstellt. Obwohl der Fokus dieses Buches im Bereich der Evolution von biologischen Systemen liegt (siehe Kapitel 10: HIV Infection, Kapitel 11: Evolution of Virulence, Kapitel 12: Evolutionary Dynamics of Cancer, und Kapitel 13: Language Evolution), sind die Kapitel 1-9 weitgehend allgemein formuliert. Die evolutionäre Dynamik unterschiedlicher Spezies einer Tierart und der Mechanismus wie Tierarten ineinander übergehen wurde von Charles Darwin bereits im Jahre 1840 beschrieben. Im Jahre 1973 stellte John Maynard Smith eine Verbindung zwischen den Populationsgleichungen der Biologie und der evolutionären Spieltheorie her. Das Konzept der *Quasi-Spezies* (Ensemble von ähnlichen Genomen Sequenzen (Erbgut eines Lebewesens) welches durch einen Prozess der Mutation und Selektion entstanden ist) wurde von Manfred Eigen und Peter Schuster entwickelt (siehe Kapitel 3.3: Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life). Die Struktur der Quasi-Spezies Differentialgleichung ist den Gleichungen der evolutionären Spieltheorie sehr ähnlich (siehe Bild 3.4 und 4.5: Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life). Die evolutionäre Vorteilhaftigkeit einer Genom Sequenz wird hierbei als die *Fitness* der Quasi-Spezies bezeichnet. *Quasi-Spezies* entsprechen den Strategien der Spieltheorie und die Fitness kann als der Auszahlungswert einer Strategie aufgefasst werden. Die zeitliche Entwicklung der *Quasi-Spezies* am Beispiel des Paarungsverhalten von Eidechsen wird z.B. in siehe Sinervo, Barry, and Curt M. Lively. 'The rock-paper-scissors game and the evolution of alternative male strategies.' Nature 380.6571 (1996): 240. analysiert (siehe auch Vorlesung 6). Die evolutionäre Dynamik hängt von der unterliegenden Netzwerkstruktur der beteiligten Akteure ab und skalenfreie Netzwerkstrukturen agieren hier als Verstärker der evolutionären Selektion (siehe Kapitel 8, Evolutionary Graph Theory: Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life). Im folgenden Unterpunkt werden sie sogenannten *Spatial Games* behandelt (eine ausführliche Einführung findet sich im Kapitel 9: Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life).

A **quasispecies** is a population of reproducing RNA or DNA molecules

ATCAGGACTCA	0000110011000110
ATC G GGACTCA	0000110011 1 00110
ATCAGGA A TCA	1 000110011000 0 10
...	...

4-nucleotide alphabet Binary alphabet

Figure 3.3 The ensemble of genomes of a natural population form a quasispecies: the genomes of different individuals are similar but not identical. Biology has chosen a four-letter alphabet consisting of the nucleotides A, T, C, and G for its genes. Most in silico evolution uses a binary alphabet for convenience. Sequence differences (mutations) are shown in red.

Evolution is **adaptation** of the **quasispecies** on the fitness landscape



Figure 3.5 Quasispecies love to climb mountains in high-dimensional spaces. The higher they get, the fitter they are. Adaptation means to go up.

The **quasispecies equation**

$$\dot{x}_i = \sum_{j=1}^n x_j f_j Q_{ji} - \phi(\vec{x}) x_i$$

Frequency of j Mutation from j to i
 Time derivative of frequency of i Fitness of j Average fitness
 $\phi(\vec{x}) = \sum_i f_i x_i$

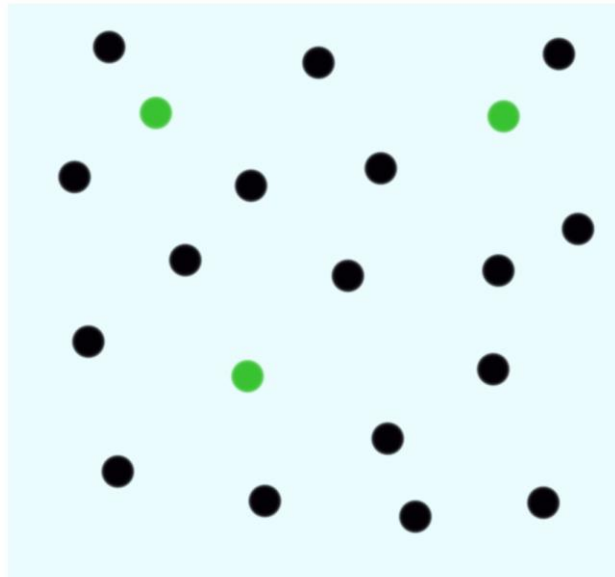
Figure 3.4 The quasispecies equation, formulated by Manfred Eigen and Peter Schuster, is one of the most important equations in theoretical biology. It describes the mutation and selection of an infinitely large population on a constant fitness landscape.

Das Konzept der Quasi-Spezien (Ensemble von ähnlichen Genomen Sequenzen (Erbgut eines Lebewesens) welches durch einen Prozess der Mutation und Selektion entstanden ist) wurde von Manfred Eigen und Peter Schuster entwickelt. Die Struktur der Quasi-Spezien Differentialgleichung ist den Gleichungen der evolutionären Spieltheorie sehr ähnlich.

Wiederholung: Evolutionäre Spieltheorie

Symmetrische (2x2)-Spiele einer Population

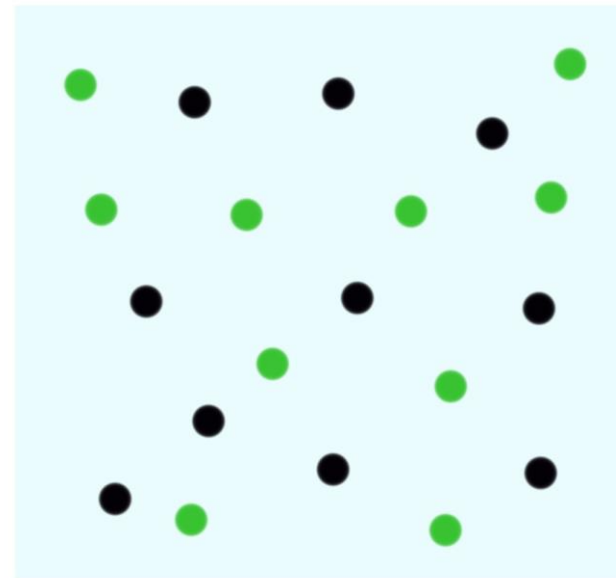
Die evolutionäre Spieltheorie betrachtet die zeitliche Entwicklung des strategischen Verhaltens einer gesamten Spielerpopulation.



$$x(0)=0.15$$



zeitliche
Entwicklung
der
Population



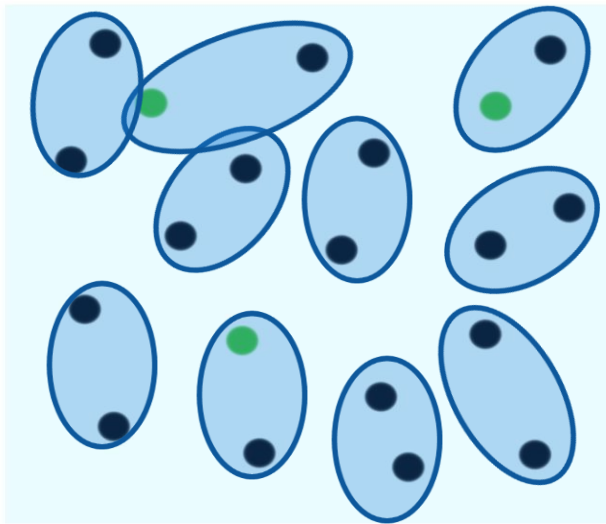
$$x(10)=0.5$$

Mögliche Strategien: (grün, schwarz), Parameter t stellt die „Zeit“ dar.
 $x(t)$: Anteil der Spieler, die im Zeitpunkt t die Strategie „grün“ spielen.

Evolutionäre Spieltheorie

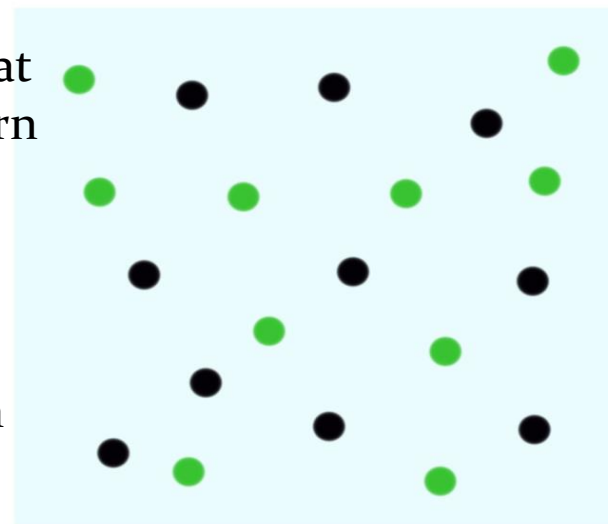
Symmetrische (2x2)-Spiele einer Population

Die einzelnen Akteure innerhalb der betrachteten Population spielen ein andauernd sich wiederholendes Spiel miteinander, wobei sich jeweils zwei Spieler zufällig treffen, das Spiel spielen und danach zu dem nächsten Spielpartner wechseln .



$$x(0) = 0.15$$

Die Anfangspopulation von Spielern spielt zum Zeitpunkt $t=0$ das erste Mal das Spiel. Die Spieler wählen im Mittel zu 15% die grüne Strategie.



$$x(10) = 0.5$$

Das evolutionäre Spiel schreitet voran und die grüne Strategie wird für die Spieler zunehmend attraktiver. Zum Zeitpunkt $t=10$ spielen schon 50% grün.

$$\begin{aligned}
 \frac{dx_i^A(t)}{dt} &= \left[\underbrace{\sum_{l=1}^{m_B} \$_{il}^A x_l^B(t)}_{\text{Fitness der Strategie i}} - \underbrace{\sum_{l=1}^{m_B} \sum_{k=1}^{m_A} \$_{kl}^A x_k^A(t) x_l^B(t)}_{\text{Durchschn. Fitness der Population A}} \right] x_i^A(t) \quad (1) \\
 \frac{dx_j^B(t)}{dt} &= \left[\underbrace{\sum_{l=1}^{m_A} \$_{lj}^B x_l^A(t)}_{\text{Fitness der Strategie j}} - \underbrace{\sum_{l=1}^{m_A} \sum_{k=1}^{m_B} \$_{lk}^B x_l^A(t) x_k^B(t)}_{\text{Durchschn. Fitness der Population B}} \right] x_j^B(t) \quad ,
 \end{aligned}$$

wobei $x_i^A(t)$, $i = 1, 2, \dots, m_A$ und $x_j^B(t)$, $j = 1, 2, \dots, m_B$ die Anteile der in den Spielergruppen A und B zur Zeit t gewählten Strategien widerspiegeln und in der Soziobiologie den Frequenzen der *Quasispezies* entsprechen.

Nimmt man zusätzlich ein symmetrisches Spiel an ($\hat{\$} := \hat{\$}^A = \left(\hat{\$}^B\right)^T$), in welchem die Auszahlungswerte (Fitness-Werte) der Populationsgruppen gleich sind, so kann man die beiden Gruppen von ihrer mathematischen Struktur her als ununterscheidbare Spielergruppen mit identischen Populationsvektoren $x(t) = y(t)$ annehmen. Die Differentialgleichung schreibt sich dann wie folgt:

$$\frac{dx(t)}{dt} = [(\$_{11} - \$_{21})(x - x^2) + (\$_{12} - \$_{22})(1 - 2x + x^2)] x(t) =: g(x) \quad (3)$$

Verallgemeinert man diese Differentialgleichung wieder auf mehr als zwei Strategien, so kann man abkürzend die folgende Formulierung schreiben:

$$\frac{d\vec{x}}{dt} = \hat{\mathbf{x}} \left(\hat{\$} \vec{x} \right) - \left(\left(\hat{\$} \vec{x} \right)^T \vec{x} \right) \vec{x}$$

Replikatordynamik

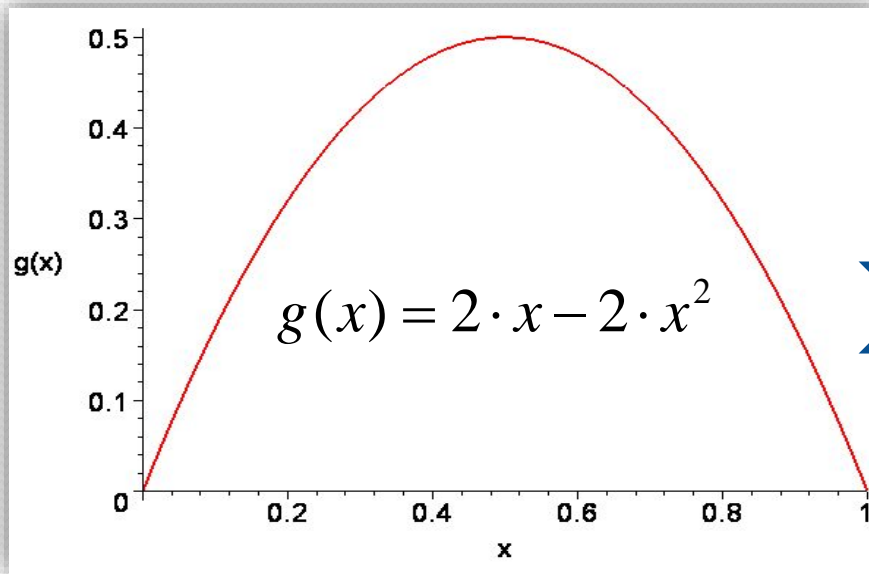
(für das Gefangenendilemma)

Die Differentialgleichung der Replikatordynamik für das Gefangenendilemma lautet:

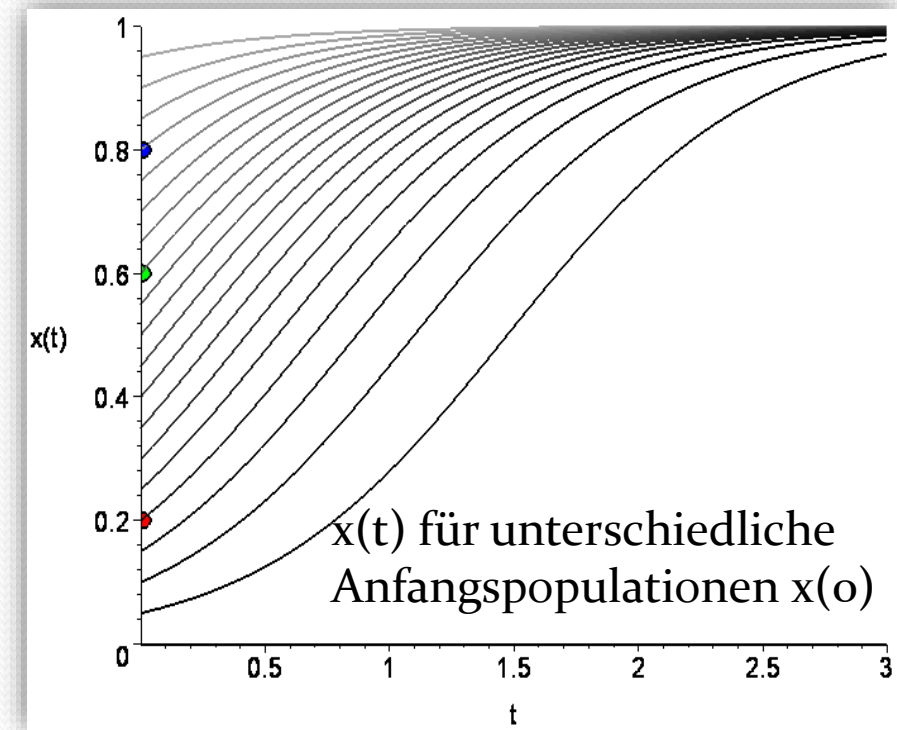
$$\dot{x}(t) := \frac{dx(t)}{dt} = 2 \cdot x(t) - 2 \cdot (x(t))^2 = g(x(t))$$

$$g(x(t)) := x(t) \cdot \left((-7 - (-9)) \cdot (x(t) - x(t)^2) + (-3 - (-1)) \cdot (2 \cdot x(t) - 1 - x(t)^2) \right)$$

	Ge	Sc
Ge	(-7, -7)	(-1, -9)
Sc	(-9, -1)	(-3, -3)



Beispiel: Gefangenendilemma
 $g(x)=g(x(t))$ im Bereich $[0,1]$ dargestellt



Replikatordynamik

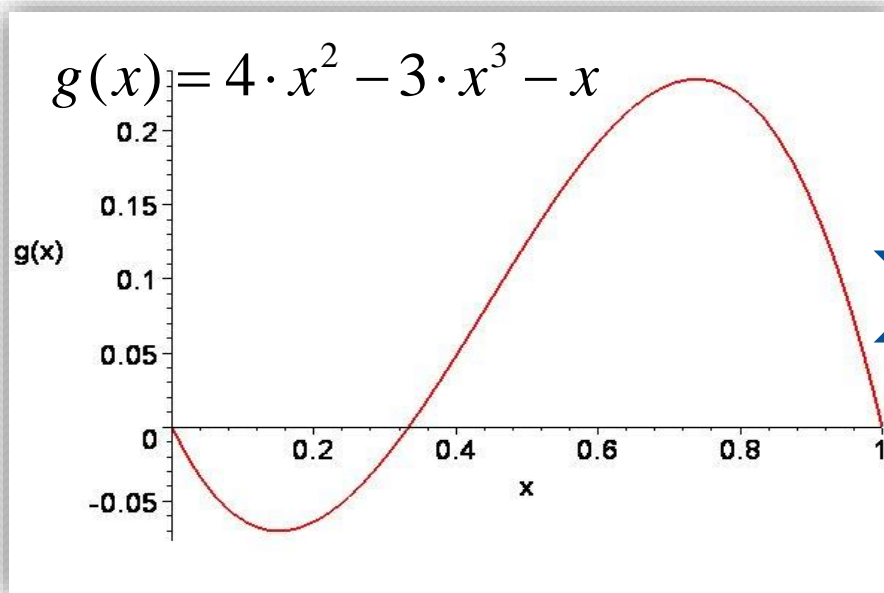
(für das Hirschjagt-Spiel)

Die Differentialgleichung der Replikatordynamik für das Hirschjagt-Spiel lautet:

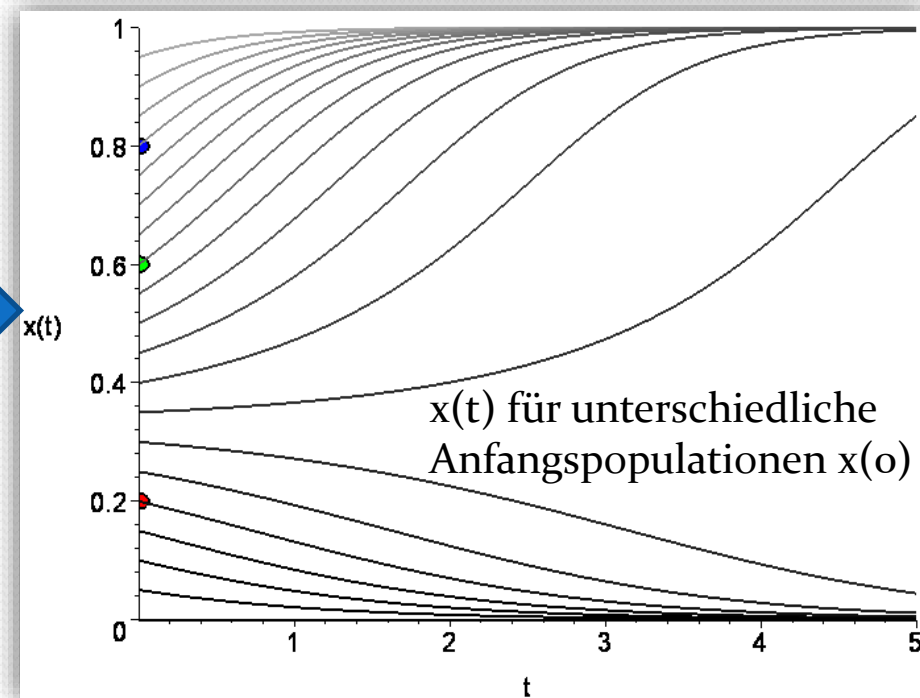
$$\dot{x}(t) := \frac{dx(t)}{dt} = 4 \cdot (x(t))^2 - 3 \cdot (x(t))^3 - x(t) =: g(x(t))$$

$$g(x(t)) := x(t) \cdot \left((2 - 0) \cdot (x(t) - x(t)^2) + (5 - 4) \cdot (2 \cdot x(t) - 1 - x(t)^2) \right)$$

	Hasen	Hirsch
Hasen	(2, 2)	(4, 0)
Hirsch	(0, 4)	(5, 5)



Beispiel: Hirschjagt-Spiel
 $g(x) = g(x(t))$ im Bereich $[0,1]$ dargestellt



Replikatorodynamik

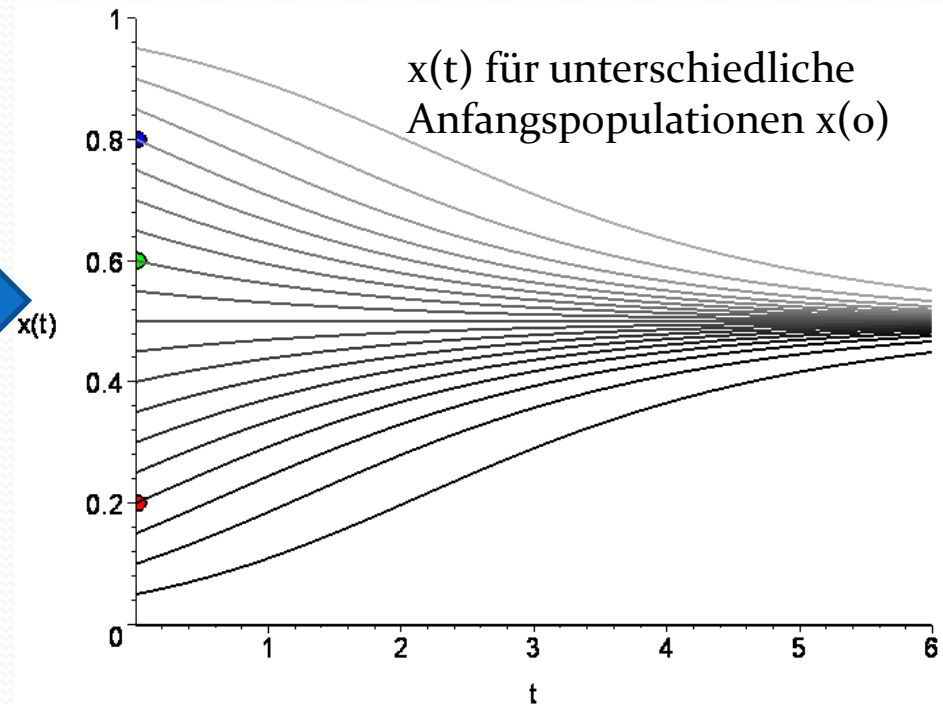
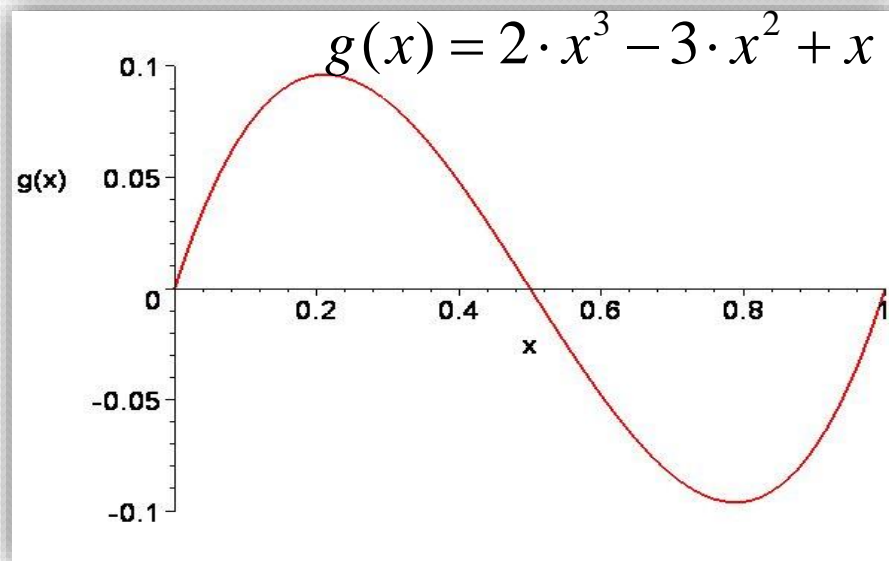
(für das Angsthasen-Spiel)

Die Differentialgleichung der Replikatorodynamik für das Angsthasen-Spiel lautet:

$$\dot{x}(t) := \frac{dx(t)}{dt} = 2 \cdot (x(t))^3 - 3 \cdot (x(t))^2 + x(t) = g(x(t))$$

$$g(x(t)) := x(t) \cdot \left((-1 - 0) \cdot (x(t) - x(t)^2) + (1 - 2) \cdot (2 \cdot x(t) - 1 - x(t)^2) \right)$$

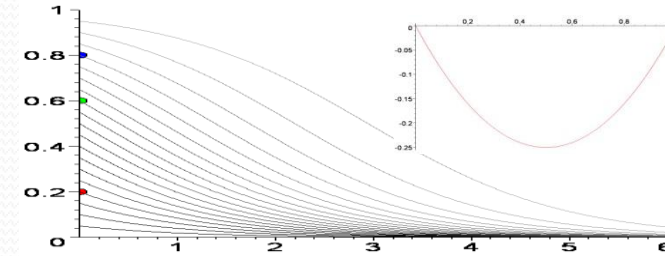
	Springe nicht	Springe
Springe nicht	(-1, -1)	(2, 0)
Springe	(0, 2)	(1, 1)



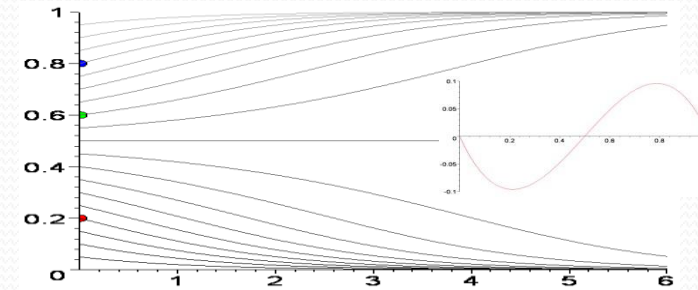
Beispiel: Angsthasen-Spiel
 $g(x)=g(x(t))$ im Bereich $[0,1]$ dargestellt

Klassifizierung von evolutionären, symmetrischen (2x2)-Spielen

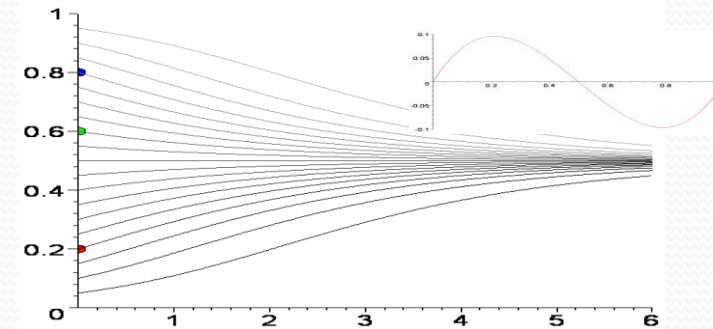
- **Dominante Spiele**
(2. Strategie dominiert 1.Strategie)
Es existiert ein Nash - Gleichgewicht, welches die anderen Strategien dominiert. ESS bei $x=0$.



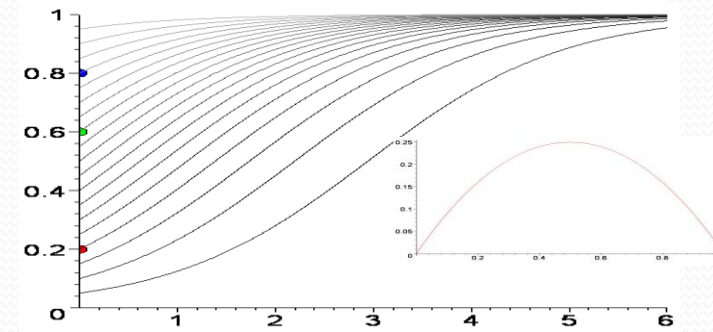
- **Koordinationsspiele**
Es existieren drei Nash - Gleichgewichte und zwei reine ESS, die abhängig von der Anfangsbedingung realisiert werden.



- **Anti - Koordinationsspiele**
Es existieren drei Nash - Gleichgewichte aber nur eine gemischte ESS, die unabhängig von der Anfangsbedingung realisiert wird.



- **Dominante Spiele**
(1. Strategie dominiert 2.Strategie)
Es existiert ein Nash - Gleichgewicht, welches die anderen Strategien dominiert. ESS bei $x=1$.



Frequency-dependent selection dynamics between two strategies, A and B

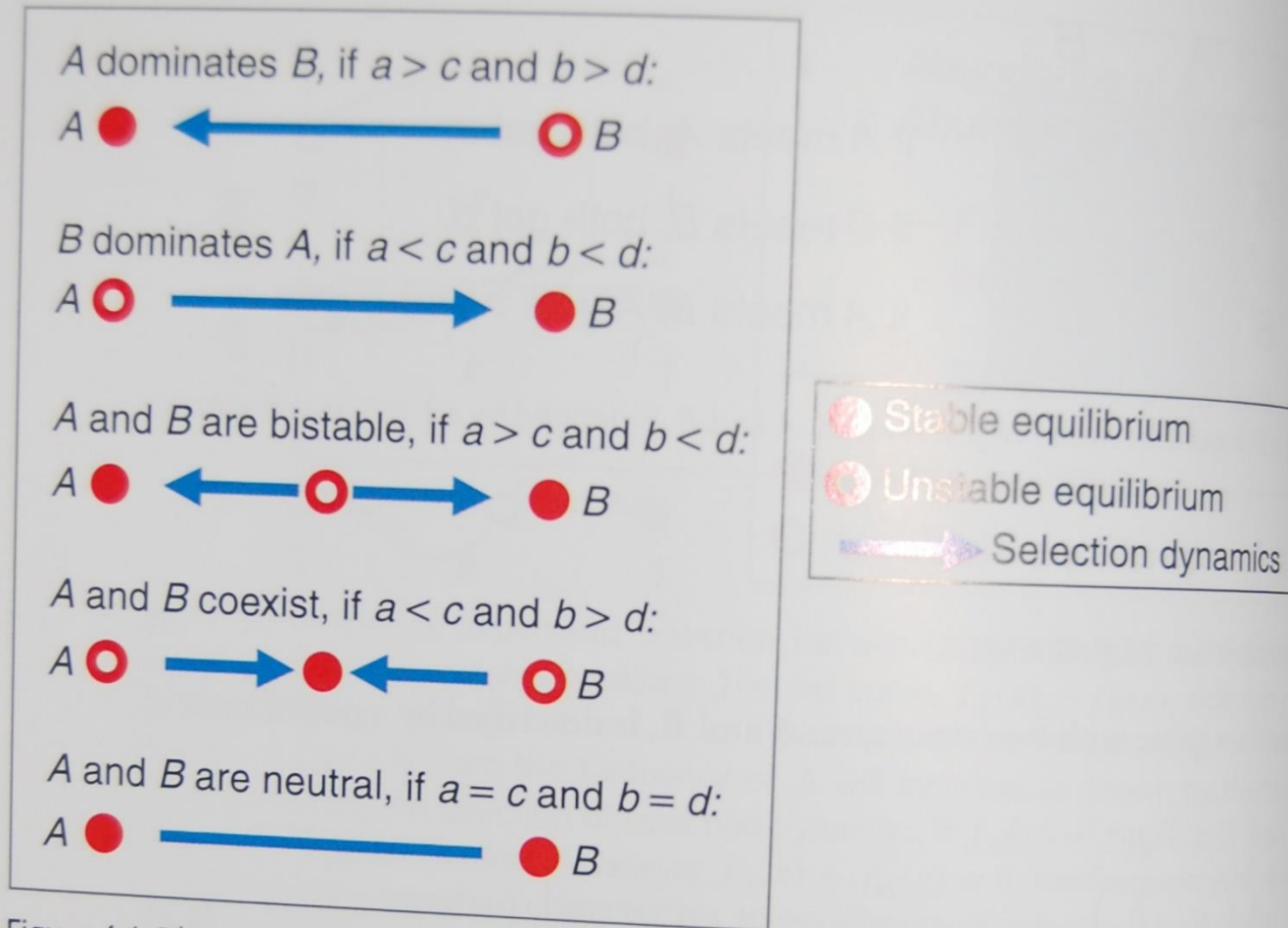
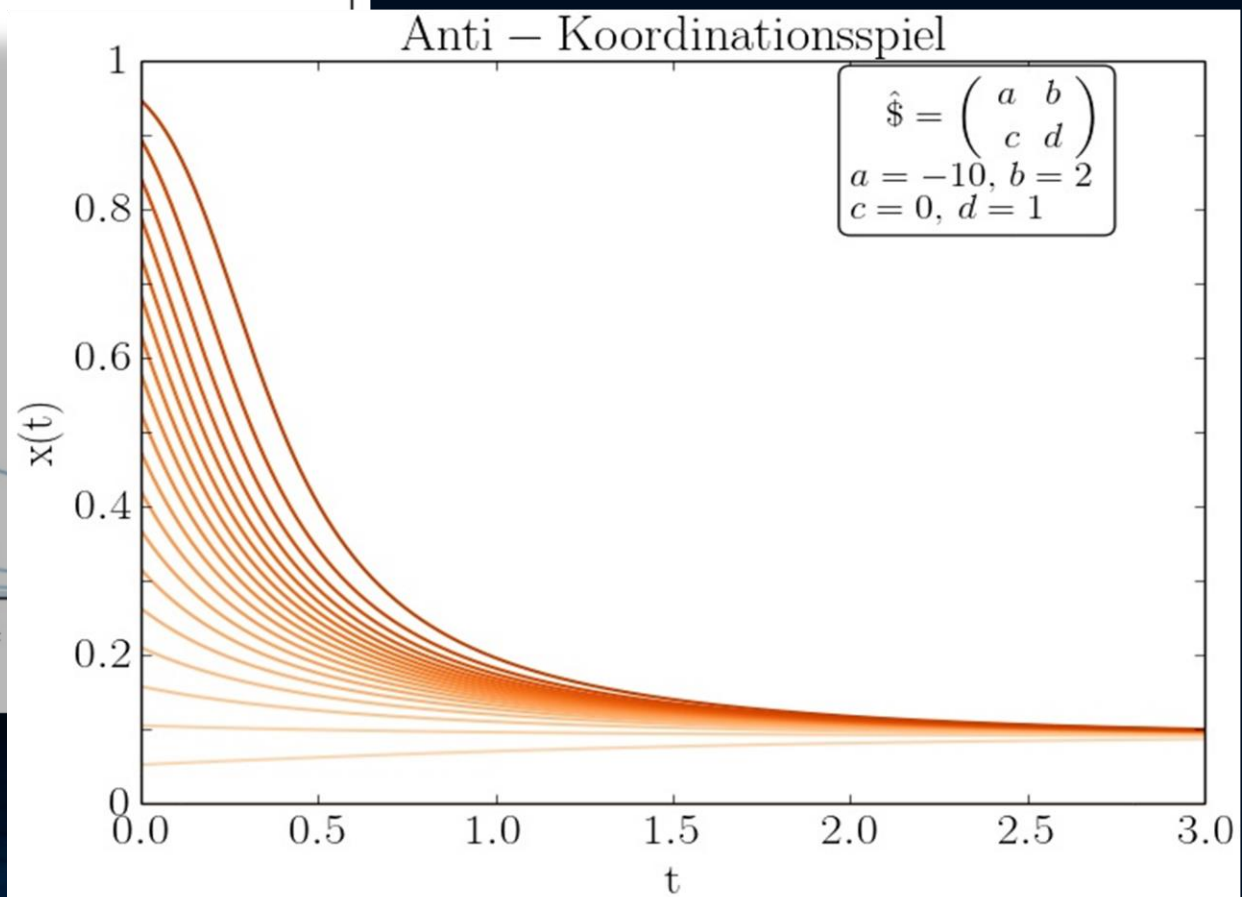
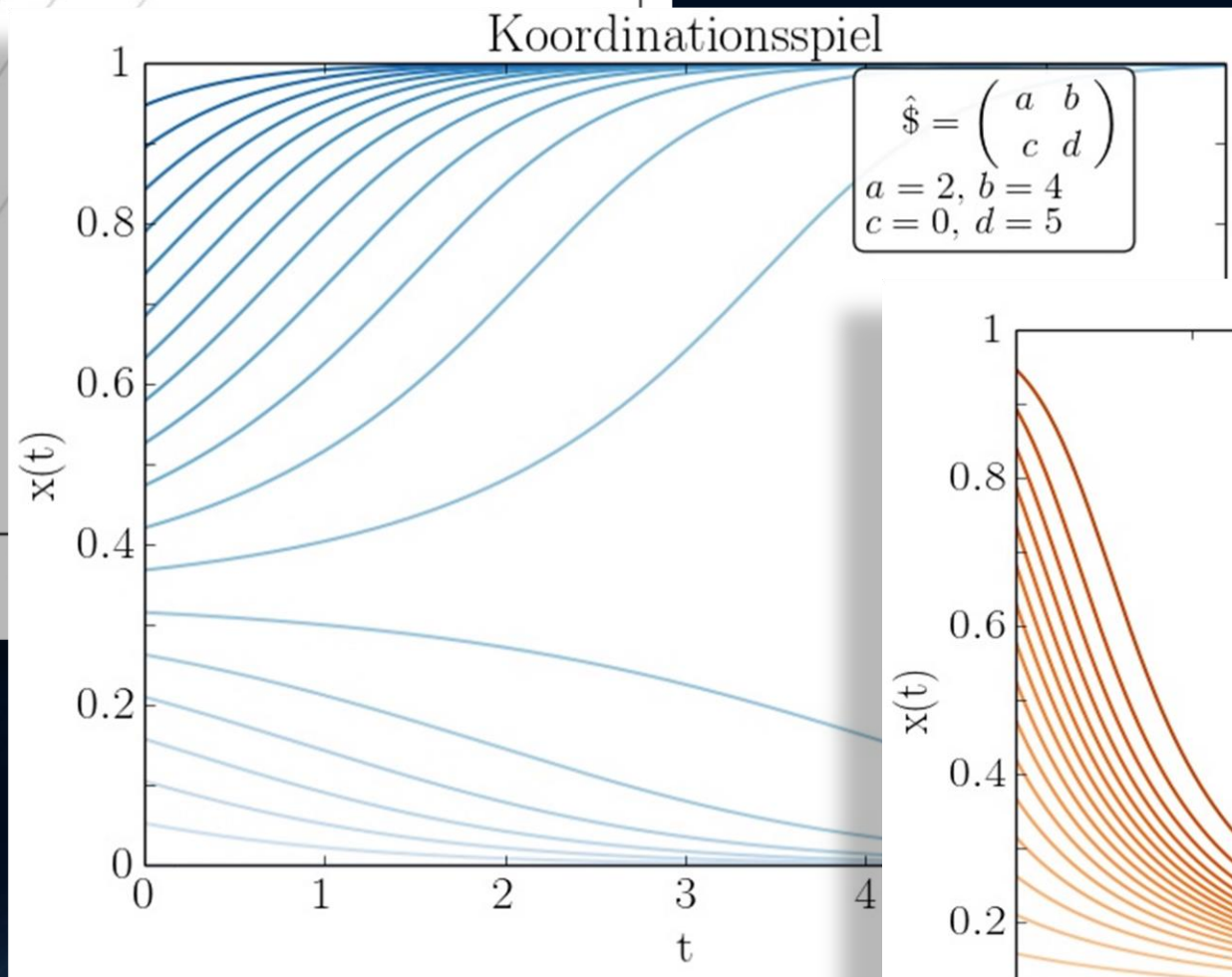
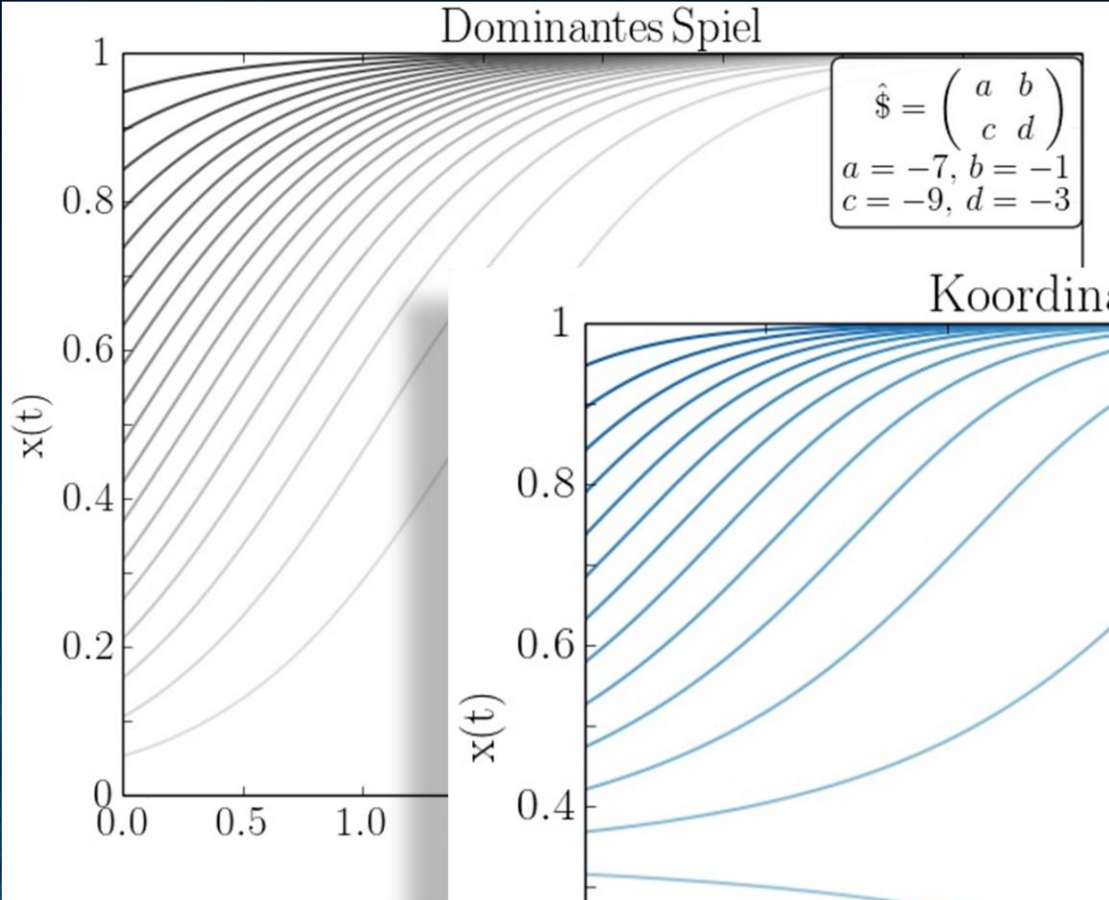


Figure 4.4 There are five possibilities for the selection dynamics between two strategies: (i) A dominates B, (ii) B dominates A, (iii) A and B are bistable, (iv) A and B coexist in a stable equilibrium, and (v) A and B are neutral variants of each other.

Das Kapitel 4 (Evolutionary Games) in dem Buch M.A. Nowak „Evolutionary Dynamics“ befasst sich mit Spieltheorie (siehe Teil I der Vorlesung)

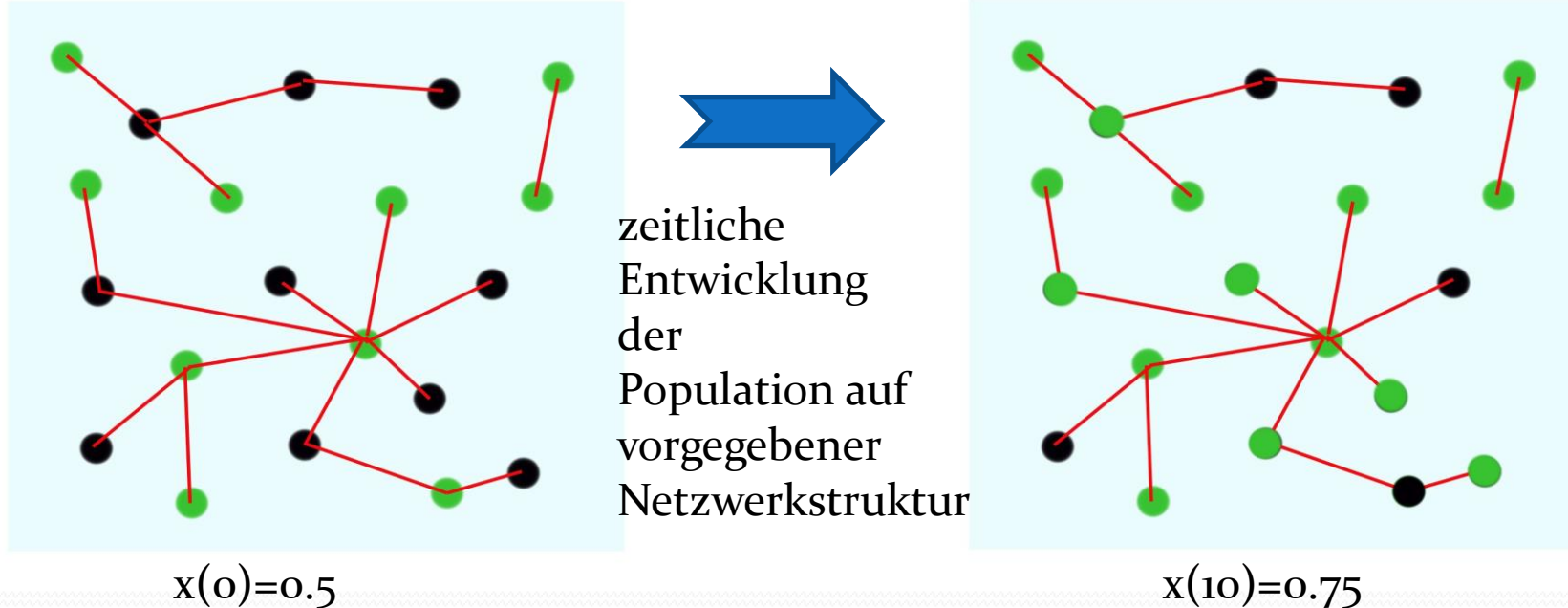
- **Dominante Spiele**
(2. Strategie dominiert 1. Strategie)
Es existiert ein Nash - Gleichgewicht, welches die anderen Strategien dominiert. ESS bei $x=0$.
- **Koordinationsspiele**
Es existieren drei Nash – Gleichgewichte und zwei reine ESS, die abhängig von der Anfangsbedingung realisiert werden.
- **Anti – Koordinationsspiele**
Es existieren drei Nash – Gleichgewichte aber nur eine gemischte ESS, die unabhängig von der Anfangsbedingung realisiert wird.

Lösen des evolutionären Spiels mit Python Version evol1.py



Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken

Viele in der Realität vorkommende evolutionäre Spiele werden auf einer definierten Netzwerkstruktur (Topologie) gespielt. Die Spieler der betrachteten Population sind hierbei nicht gleichwertig, sondern wählen als Spielpartner nur mit ihnen durch das Netzwerk verlinkte (verbundene) Partner aus.



Mögliche Strategien: (grün, schwarz), Parameter t stellt die „Zeit“ dar.
 $x(t)$: Anteil der Spieler, die im Zeitpunkt t die Strategie „grün“ spielen.
Die roten Verbindungslinien beschreiben die möglichen Spielpartner des Spielers

Inhalte von Teil III

Einführung

Teil I

Teil II

Teil III

E-Learning

III.1 Evolutionäre Dynamik auf komplexen Netzwerkstrukturen

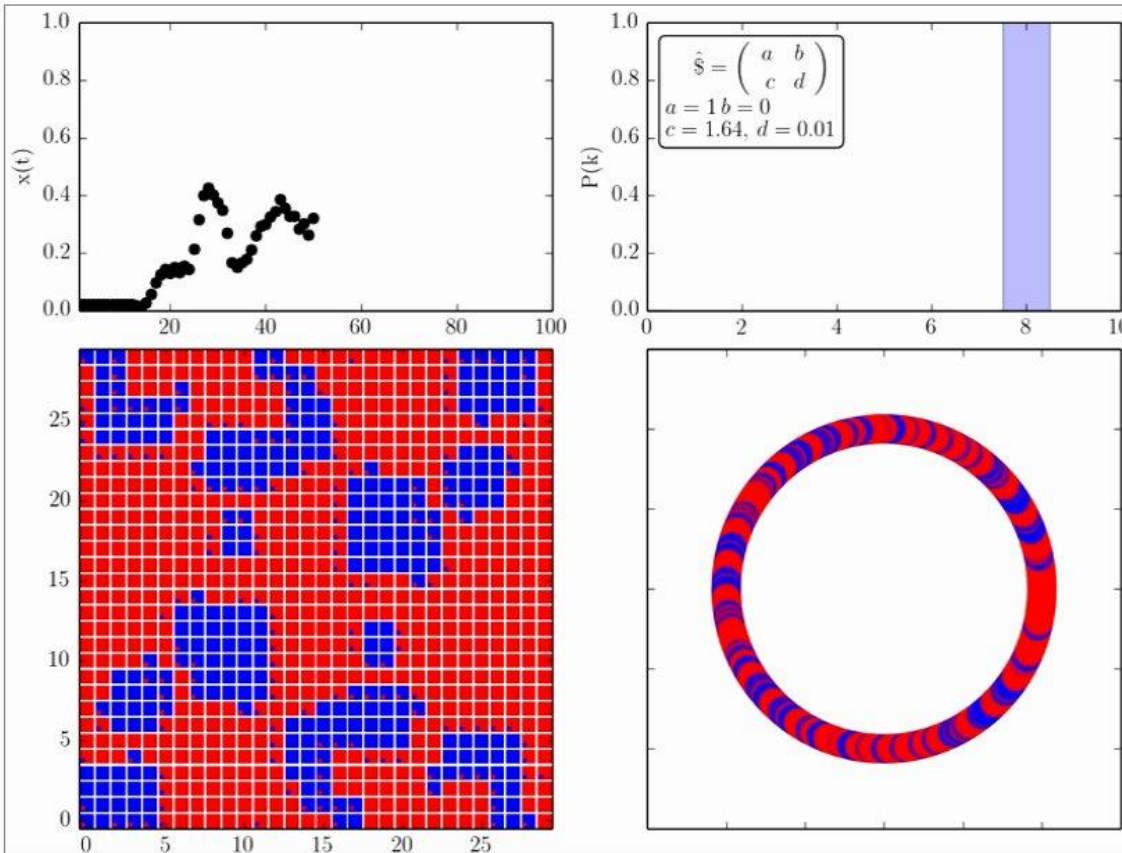
Die Verknüpfung der Theorie komplexer Netzwerke (siehe Teil II der Vorlesung) mit der evolutionären Spieltheorie (siehe Teil I der Vorlesung) stellt ein vielversprechendes mathematisches Modell dar, welches sowohl der interdisziplinären Grundlagenforschung, als auch der angewandten, empirischen Netzwerkforschung dienen kann. In diesem Kapitel wird die Vorgehensweise einer Miteinbeziehung komplexer Netzwerktopologien in die evolutionäre Spieltheorie beschrieben. Die dann auf einem solchen komplexen Netzwerk ablaufenden Entscheidungsprozesse können in den meisten Fällen lediglich mittels numerischer, agenten-basierter Computersimulationen veranschaulicht werden.

III.1.1 Spatial Games: Evolutionäre räumliche Spiele

In diesem Unterpunkt werden die Spieler einer endlich großen Population auf einem räumlichen Gitter angeordnet, wobei jeder Spieler nur mit seinen nächsten Nachbarn spielen kann (*Moore Nachbarschaft*). Das zugrundeliegende Netzwerk der Spielerknoten besitzt somit eine reguläre Struktur und im betrachteten 2-dimensionalen Fall spielt jeder Spieler pro Spielperiode mit acht Spielern (Knotengrad $k_i = 8 \forall i \in \mathcal{I}$). Wir beschränken uns im folgenden auf symmetrische 2x2-Spiele (siehe Teil I.1.4: Ansatz eines allgemeinen (2 Personen)-(2 Strategien) Spiels mit symmetrischer Auszahlungsmatrix und Parametern a, b, c und d). Die Spielerknoten spielen pro Iteration mit jedem ihrer Nachbarn und am Ende von jedem Zeitschritt vergleichen die Spieler ihren summierten Gewinn/Verlust mit den Nachbarspielern ihres Umfeldes. Ist die Auszahlung eines Spielers höher als der eigene Auszahlungswert, so ändern der Spieler in der nächsten Spielperiode seine Strategie; ist sein eigener Wert der höchste, so bleibt er auch in der nächsten Iteration bei seiner gespielten Strategie.

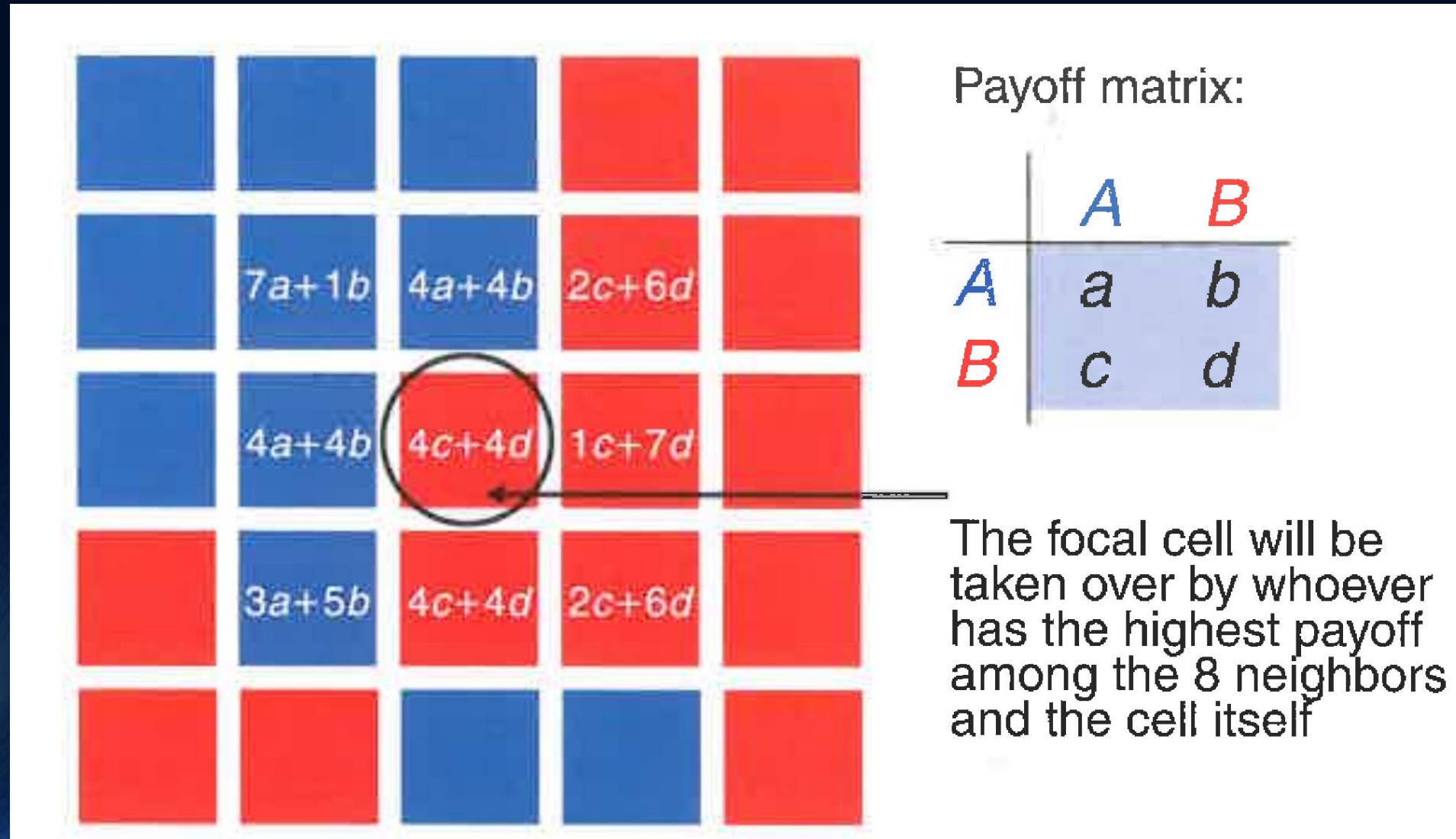
In dem oberen Link finden Sie eine Beispiel, das an das 9. Kapitel des Buches [Martin A. Nowak, Evolutionary Dynamics - Exploring the Equations of Life, 2006](#) angelehnt ist und ein Gefangenendilemma auf einem räumlichen 2-dimensionalen Gitter beschreibt. In Abhängigkeit der Stärke der Dominanz der Strategie und der Anfangskonfiguration der Strategiewahl der Spieler sind unterschiedliche zeitlichen Entwicklungen der Population möglich. Die nebenstehende Animation zeigt die zeitliche Entwicklung einer speziellen sogenannten *Walker*-Anfangsbedingung, die nach der Kollision der beiden *Walker*-Strukturen eine Art explosionsartige

Ausbreitung der blauen Strategie verursacht (siehe Python Skript [VPSOC-RandomNetwork_evol.py](#)). Das linke obere Diagramm veranschaulicht die zeitliche Entwicklung des Populationsvektors $x(t)$. Obwohl die klassische evolutionäre Spieltheorie vorhersagt (siehe Teil I), dass der Anteil der Spieler die die dominante rote Strategie wählt im Laufe der Zeit kontinuierlich zunehmen sollte und gegen den Wert $\lim_{t \rightarrow \infty} (x(t)) = 0$ konvergiert, bildet sich bei



Spatial Games

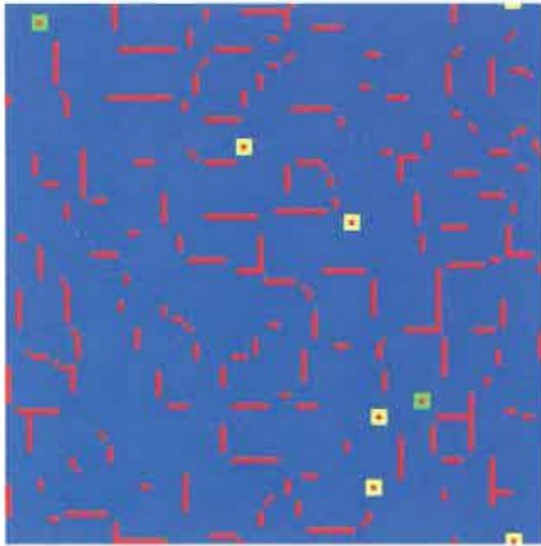
Das Kapitel 9 in dem Buch M.A. Nowak „Evolutionary Dynamics“ handelt über Spatial Games



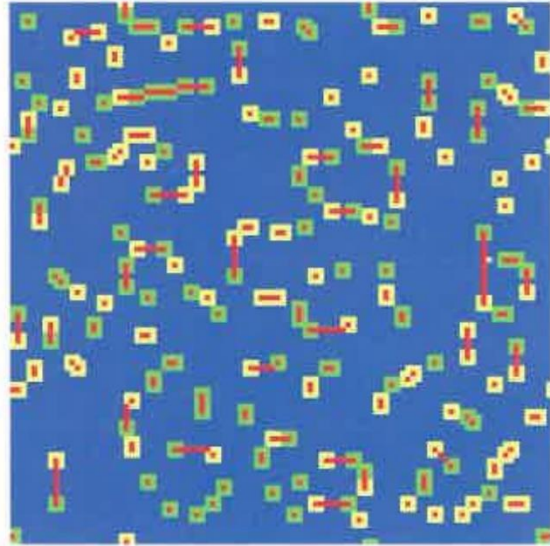
Die folgenden Abbildungen sind dem Buch M.A. Nowak „Evolutionary Dynamics“ entnommen.

Spatial Games

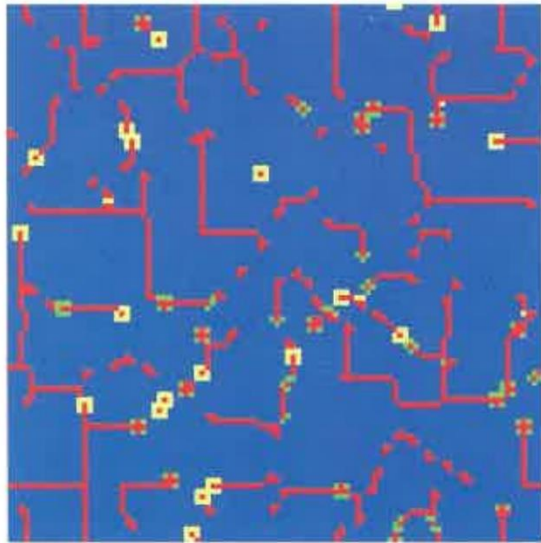
$b=1.10$



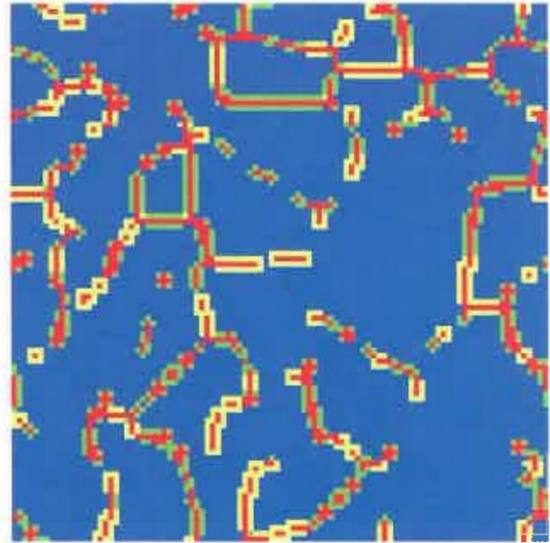
$b=1.15$



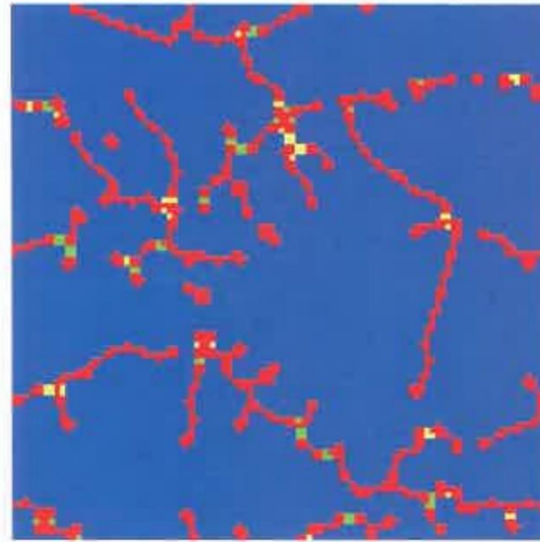
$b=1.24$



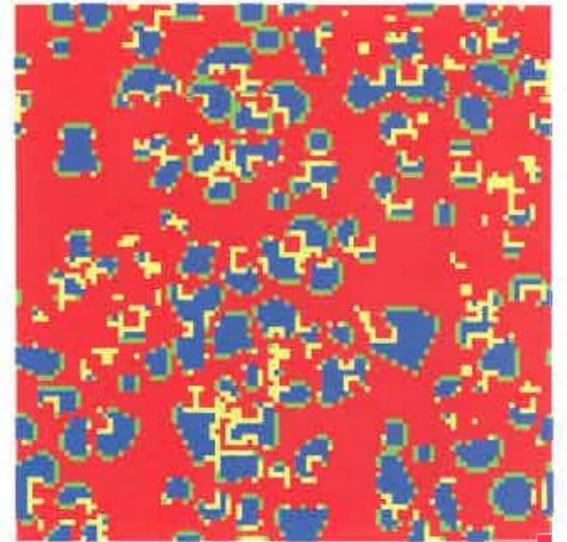
$b=1.35$



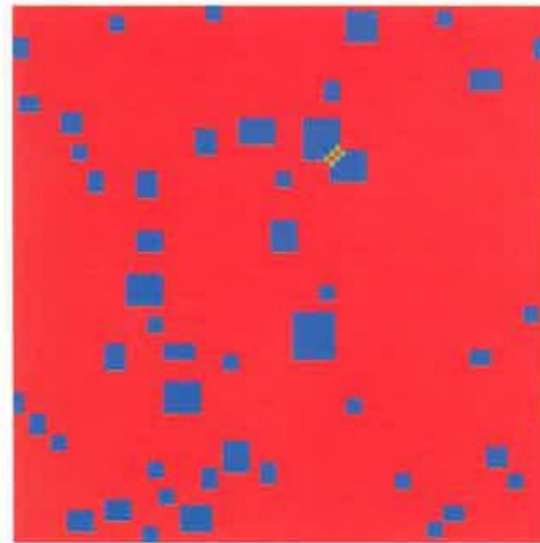
$b=1.55$



$b=1.65$



$b=1.70$



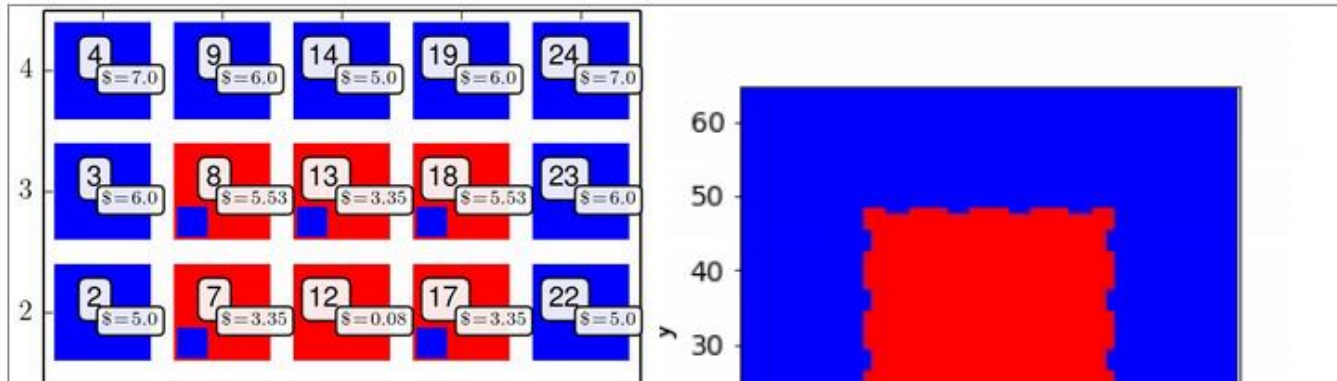
$$\begin{matrix} C & D \\ C & \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ b & \epsilon \end{pmatrix} \\ D & \end{matrix}$$

Vorlesung 9

In dieser Vorlesung wird zunächst die zeitliche Entwicklung von räumlichen dominanten Spielen, Koordinations- und Anti-Koordinationspielen simuliert und mit den Lösungen der deterministischen evolutionären Spieltheorie verglichen. Danach wird die zeitliche Entwicklung der Strategiewahl der Population auf unterschiedlichen Netzwerktopologien analysiert.

Dominante räumliche Spiele

Wir betrachten zunächst ein räumliches, leicht dominantes Spiel mit der im rechten Panel angegebenen Auszahlungsmatrix und wählen als Anfangskonfiguration der Strategiewahl der Spielerpopulation eine Konstellation, bei der nur ein Spieler die dominante rote Strategie spielt und alle anderen Spieler die blaue Strategiewahl. Die Simulationen zeigen, dass $\forall 1 < c < 1.2$ in der zweiten Spielperiode ein Rechteck aus 9 roten Knoten entsteht, welches aber dann schon in der dritten Spielperiode wieder in einen einzelnen roten Zentrums-knoten übergeht. Die linke untere Abbildung zeigt die räumliche Spielkonstellation zu diesem Zeitpunkt ($c = 1.1$), wobei die eingezeichneten $\$$ -Werte den erzielten kumulierten Auszahlungswerten der Spieler entsprechen und die kleinen Vierecke innerhalb der großen Vierecke die zukünftige Strategiewahl der Spieler in der nächsten Spielperiode angeben.



Vorlesung 9

Die Verknüpfung der Theorie der komplexen Netzwerke mit der evolutionären Spieltheorie wird in dieser Vorlesung an mehreren Beispielen gezeigt. Die Entscheidungsprozesse der Spieler auf einem komplexen Netzwerk können mittels numerischer, agenten-basierter Computerprogramme simuliert werden.

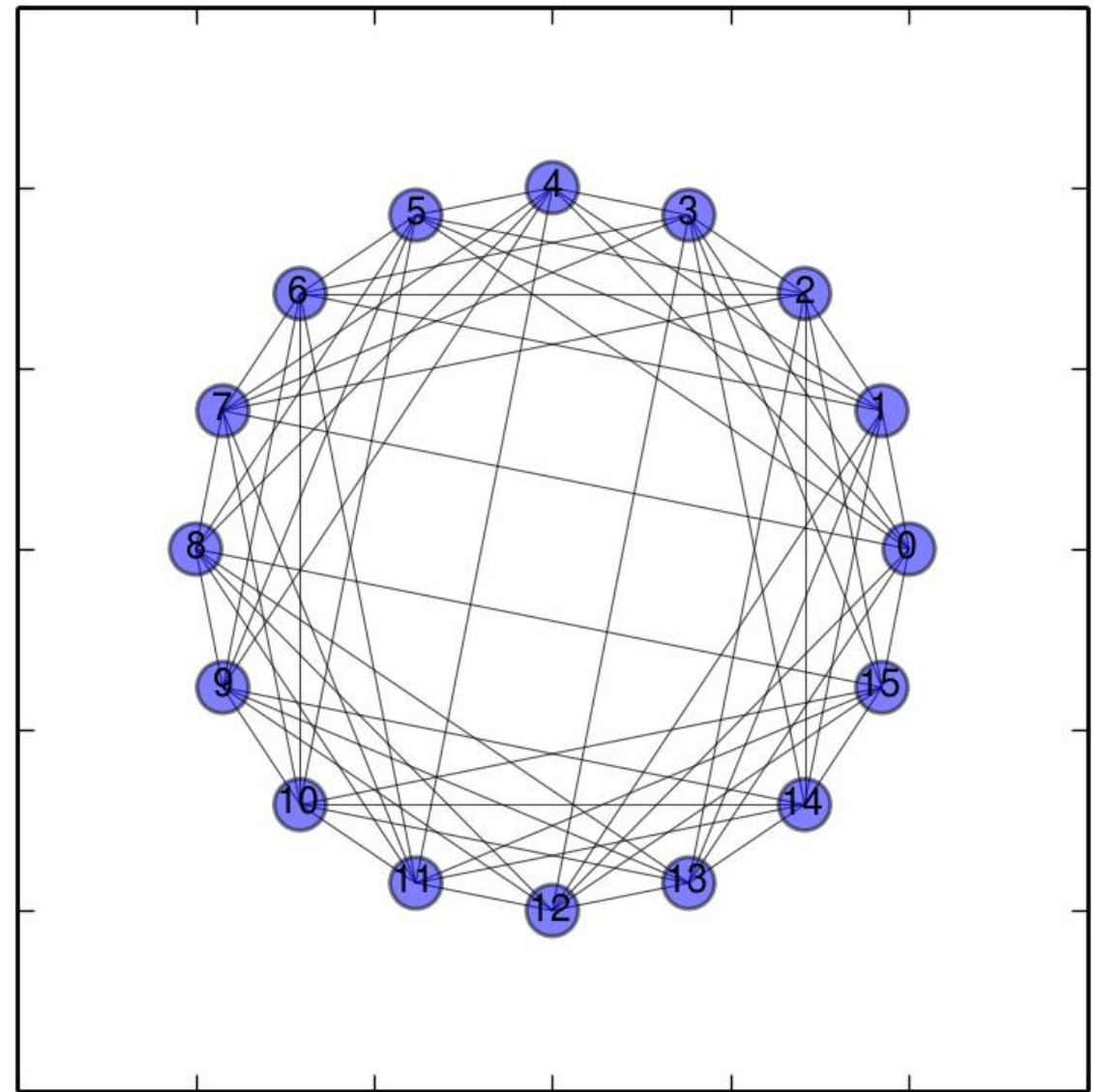
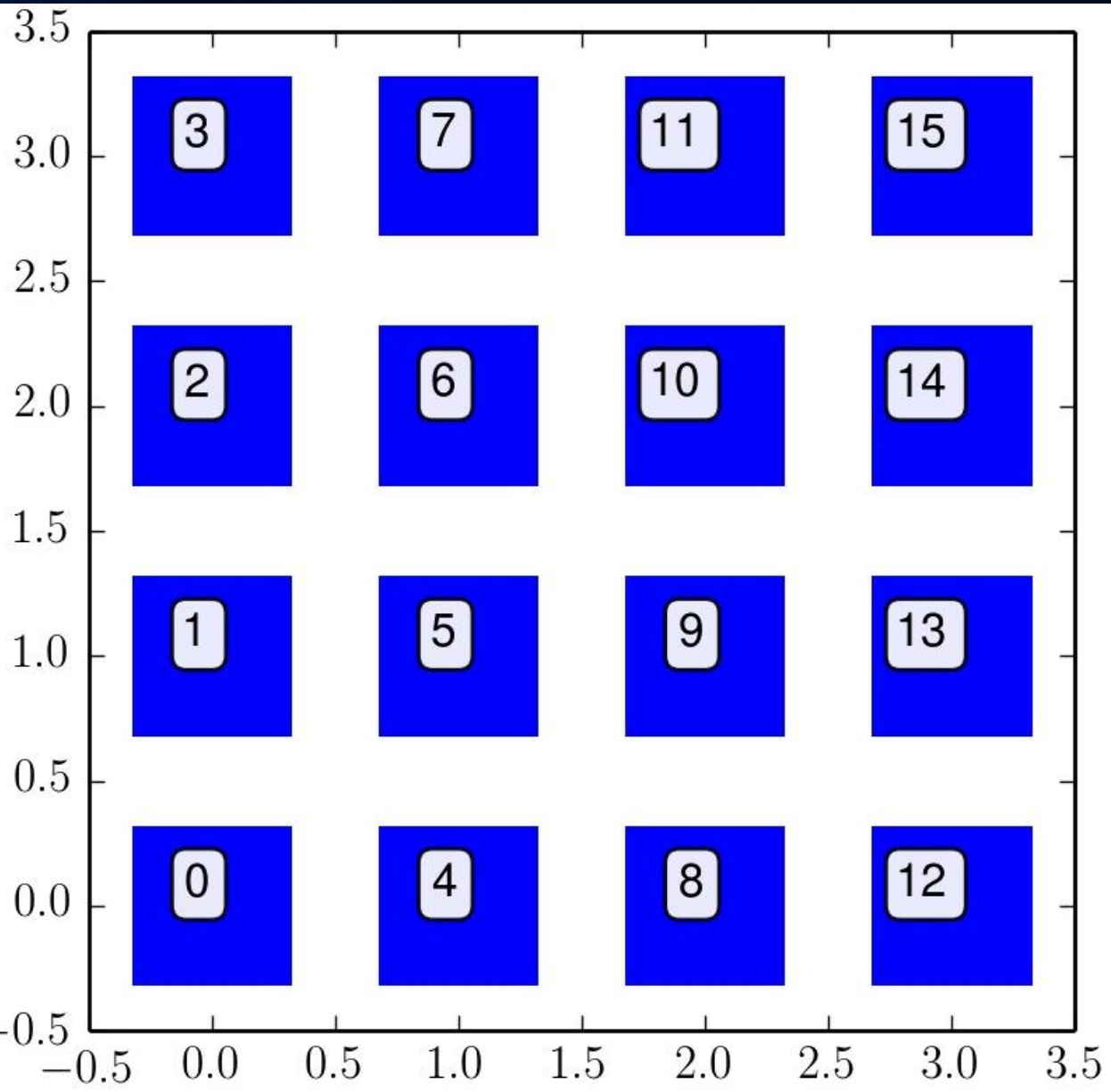
Wir betrachten zunächst ein evolutionäres räumliches Spiel (siehe Spatial Games), wobei die Spieler einer endlich großen Population auf einem räumlichen Gitter angeordnet und jeder Spieler nur mit seinen nächsten Nachbarn spielen kann (*Moore Nachbarschaft*). Das zugrundeliegende Netzwerk der Spielerknoten besitzt somit eine reguläre Struktur und im betrachteten 2-dimensionalen Fall spielt jeder Spieler pro Spielperiode mit acht Spielern (Knotengrad $k_i = 8 \forall i \in \mathcal{I}$).

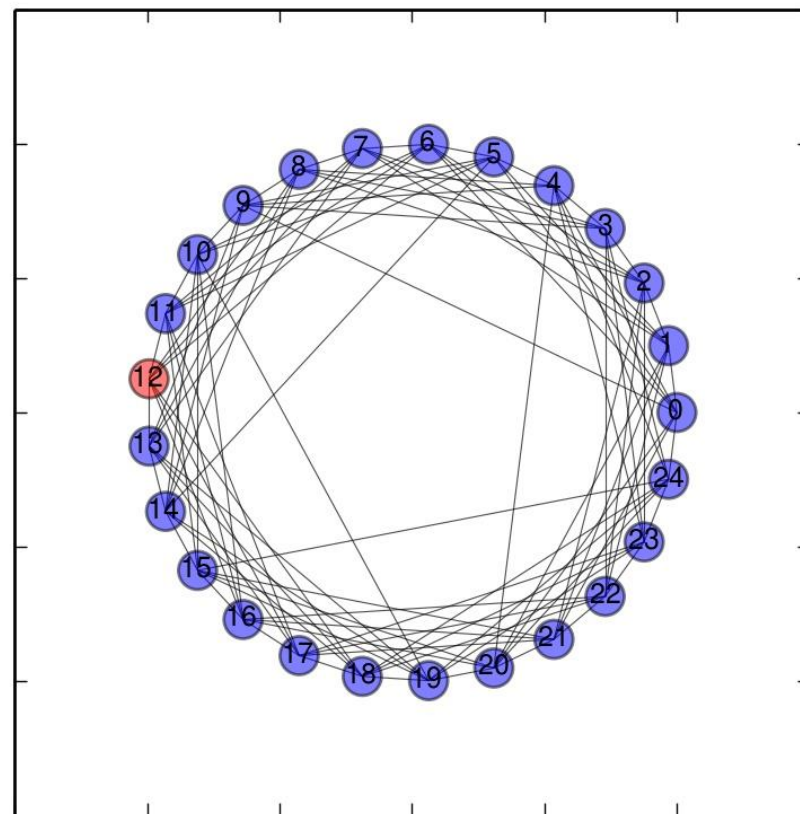
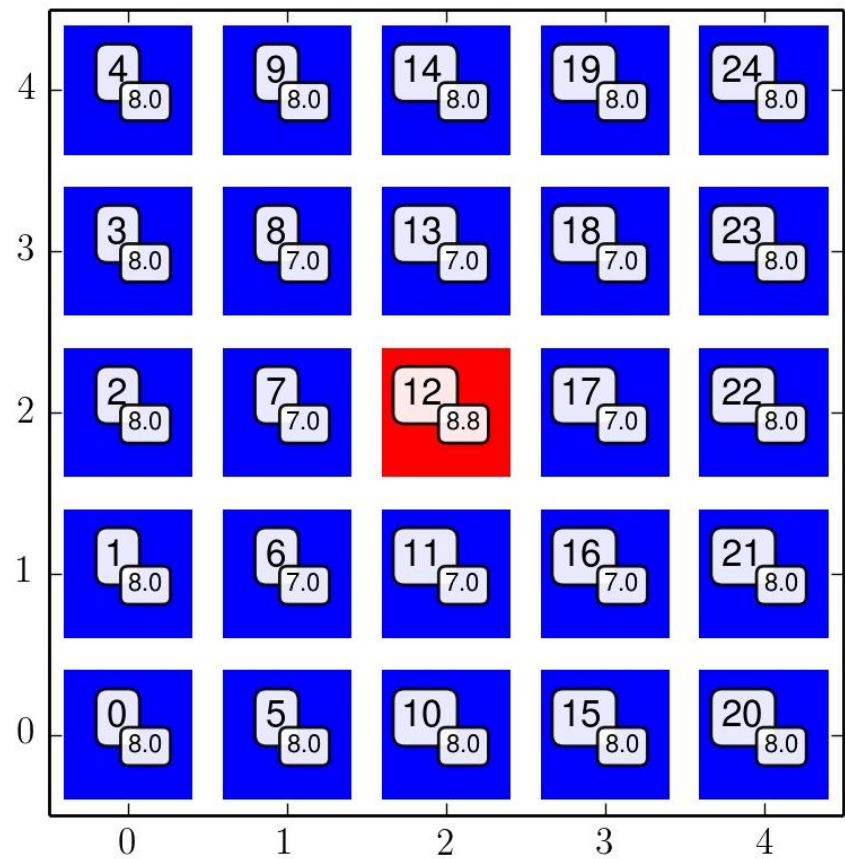
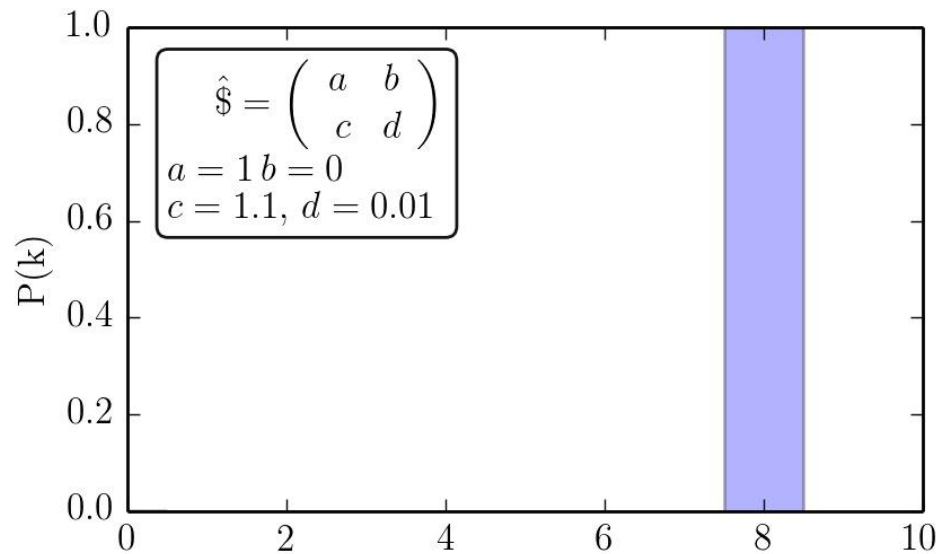
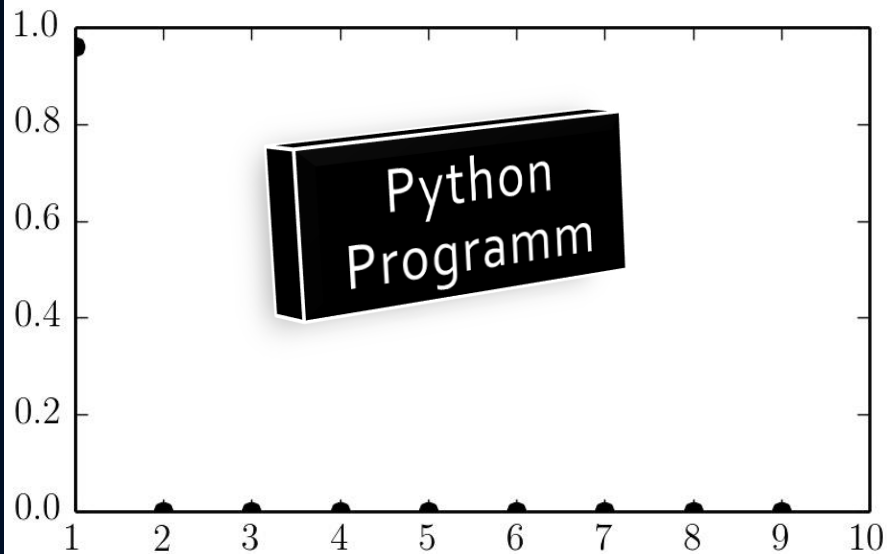
	Spieler B Strategie 1	Spieler B Strategie 2
Spieler A Strategie 1	(1, 1)	(0, c)
Spieler A Strategie 2	(c, 0)	(0.01, 0.01)

Wir beschränken uns im Folgenden auf symmetrische 2x2-Spiele und in diesem linken Panel der Vorlesung betrachten wir im Speziellen ein 'leicht' dominantes Spiel mit nebenstehender

Auszahlungsmatrix. Es handelt sich bei diesem Spiel um eine Version des Gefangenendilemmas, wobei der Parameter $c > 1$ die Stärke der Dominanz

Moore's Neighborhood





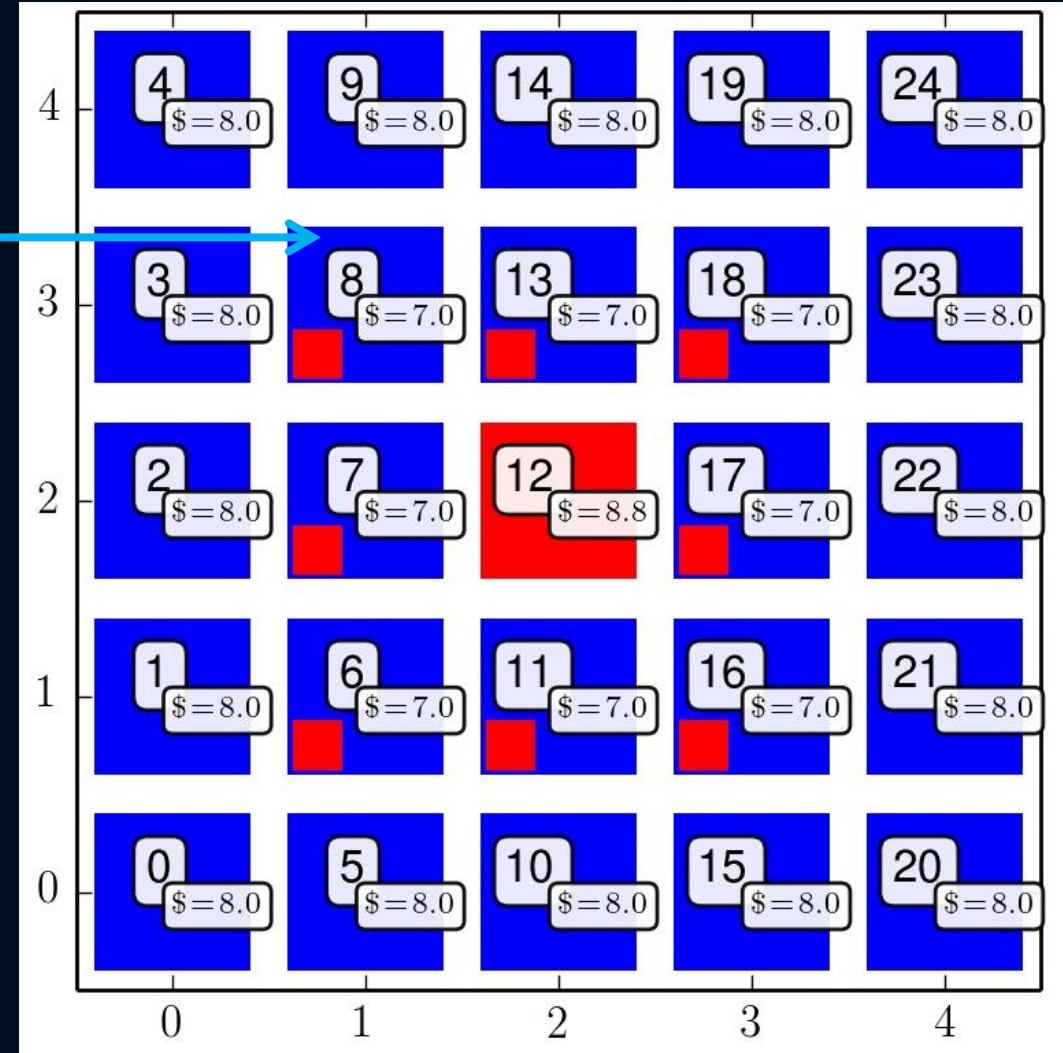
Betrachtetes Gefangenendilemma-ähnliches (2x2)-Spiel

	Spieler B Strategie 1	Spieler B Strategie 2
Spieler A Strategie 1	$(1, 1)$	$(0, c)$
Spieler A Strategie 2	$(c, 0)$	$(0.01, 0.01)$

The diagram shows a 2x2 game matrix with four strategy combinations. The top-left cell (1,1) is light gray, the top-right cell (0,c) is light gray, the bottom-left cell (c,0) is light gray, and the bottom-right cell (0.01,0.01) is dark gray. Four blue curved arrows form a cycle: from (1,1) to (0,c), from (0,c) to (0.01,0.01), from (0.01,0.01) to (c,0), and from (c,0) to (1,1).

Python Programm Spatial Games

In diesem Python Programm wird die Menge der Spieler (hier $N=24$) auf einem 2D-Gitter mit Moorschen Nachbarschaftsbedingungen angeordnet (siehe S:147 in M.A.Nowak, „Evolutionary Dynamics“). In jeder Iterationsperiode spielt jeder Spieler mit seinen nächsten Nachbarn ein symmetrisches (2x2)-Spiel. Am Ende einer Periode vergleicht jeder Spieler seinen Gesamtgewinn mit seinen Nachbarn und bestimmt in einem „Update Rule“ seine Strategie in der nächsten Spielperiode.



Die rechte Simulation benutzt die folgenden Werte der Auszahlungsmatrix (siehe linke Abb.): $a=1$, $b=0$, $c=1.1$ und $d=0.01$

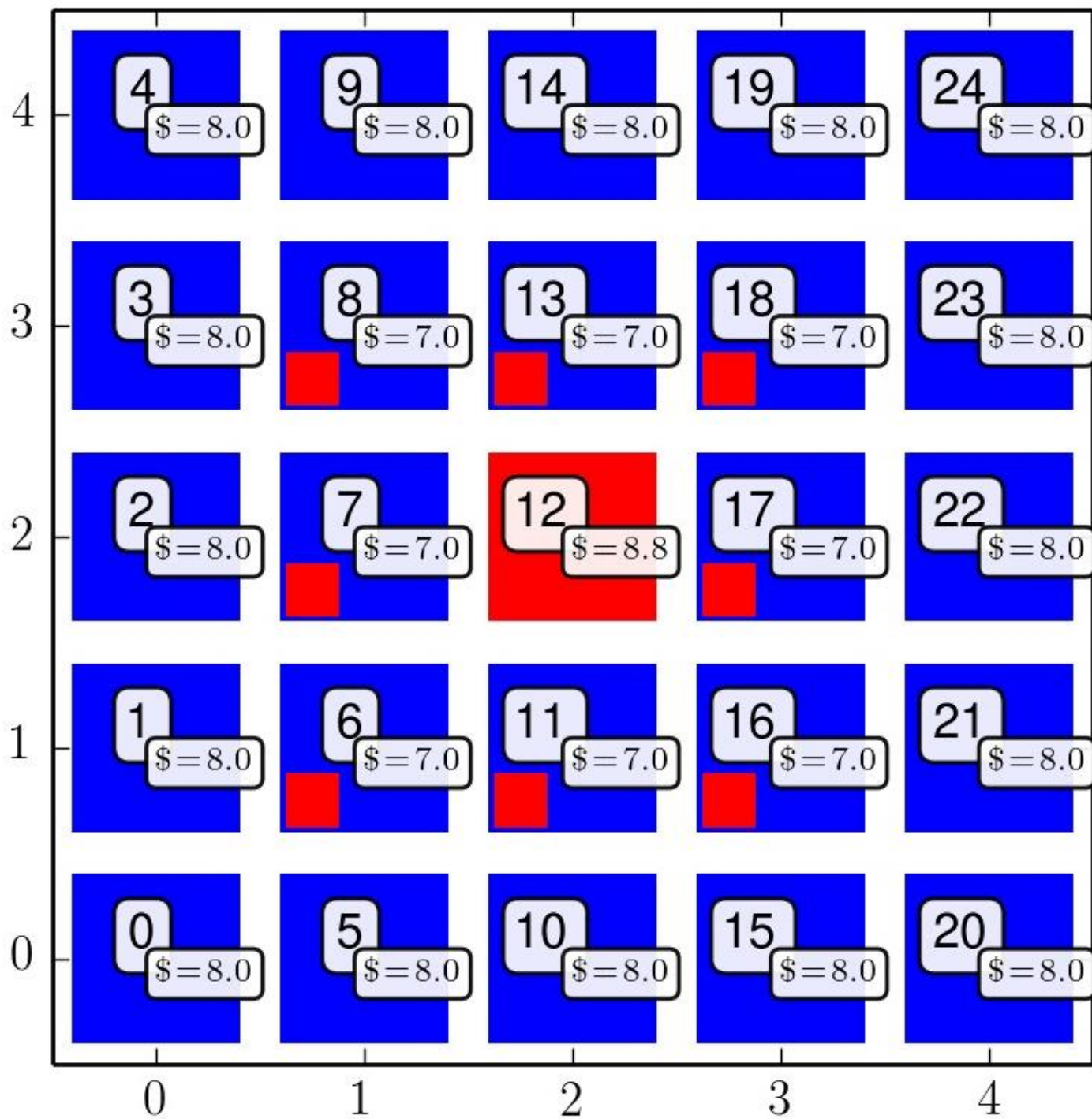
Beachte!: Definition von b und c ist in M.A.Nowak, „Evolutionary Dynamics“ vertauscht.

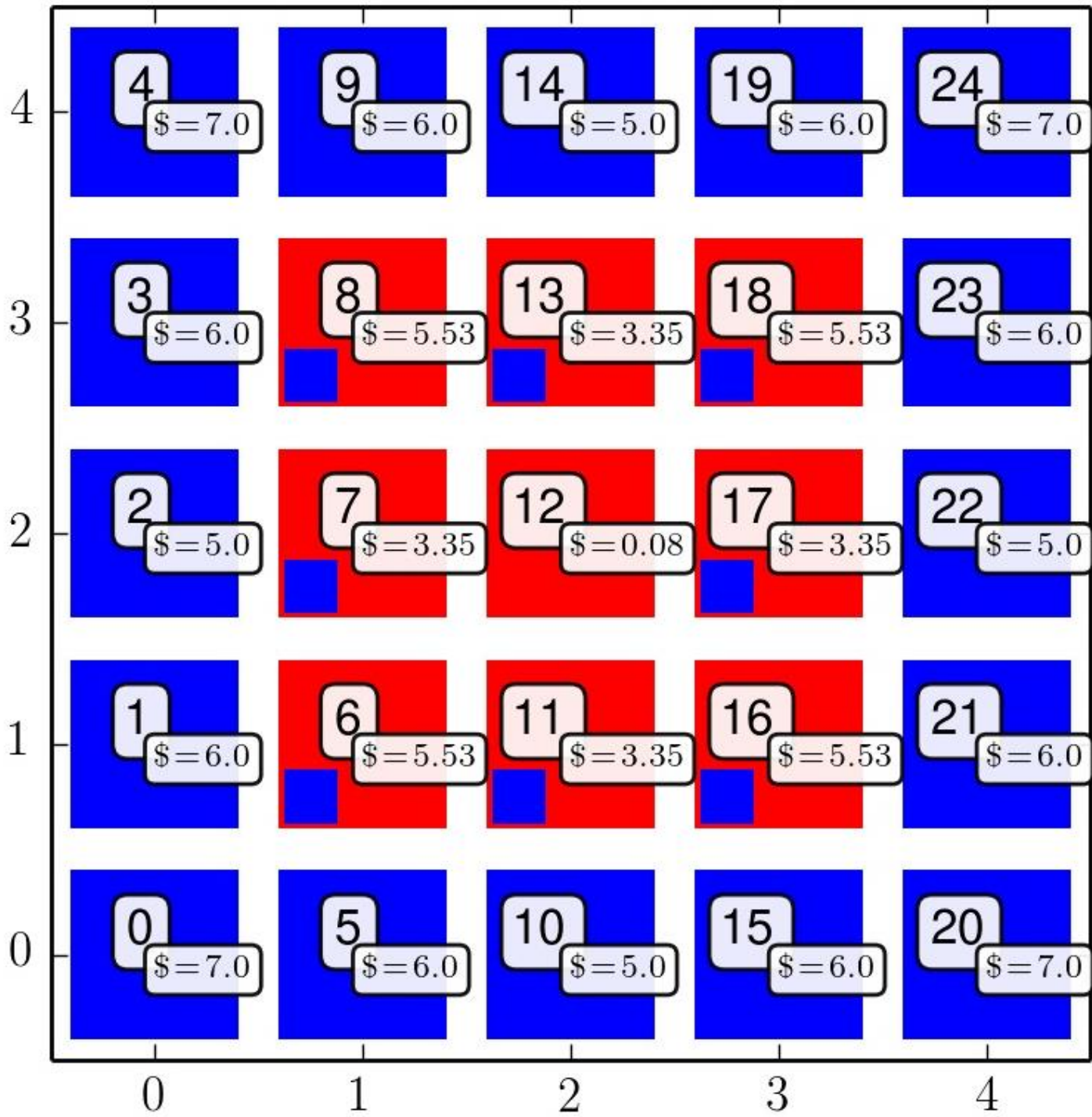
	Spieler B Strategie 1 $y=1$	Spieler B Strategie 1 $y=0$
Spieler A Strategie 1 $x=1$	(a , a)	(b , c)
Spieler A Strategie 2 $x=0$	(c , b)	(d , d)

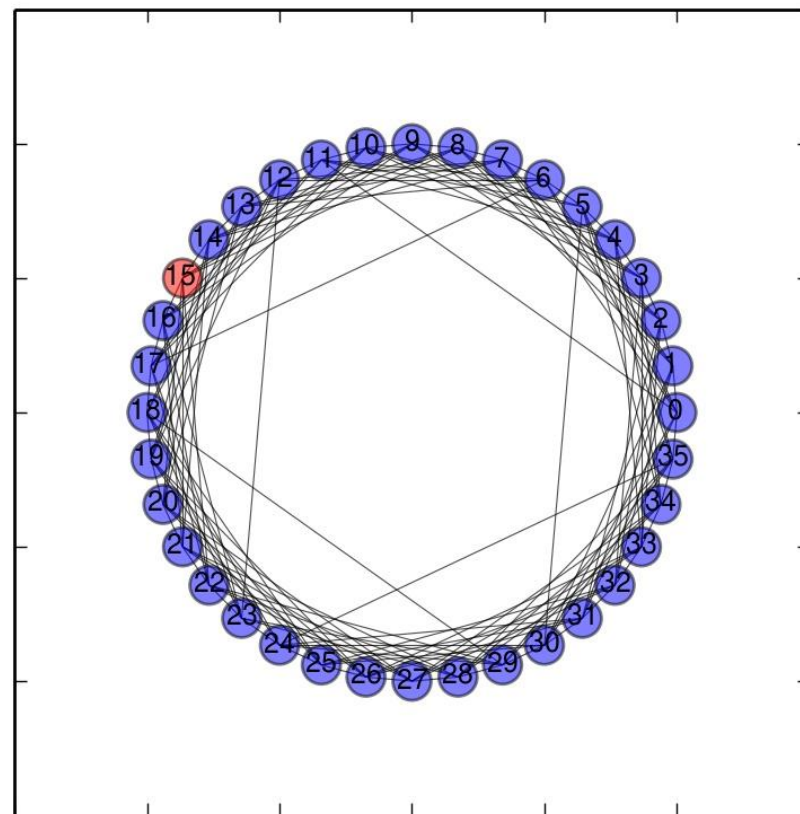
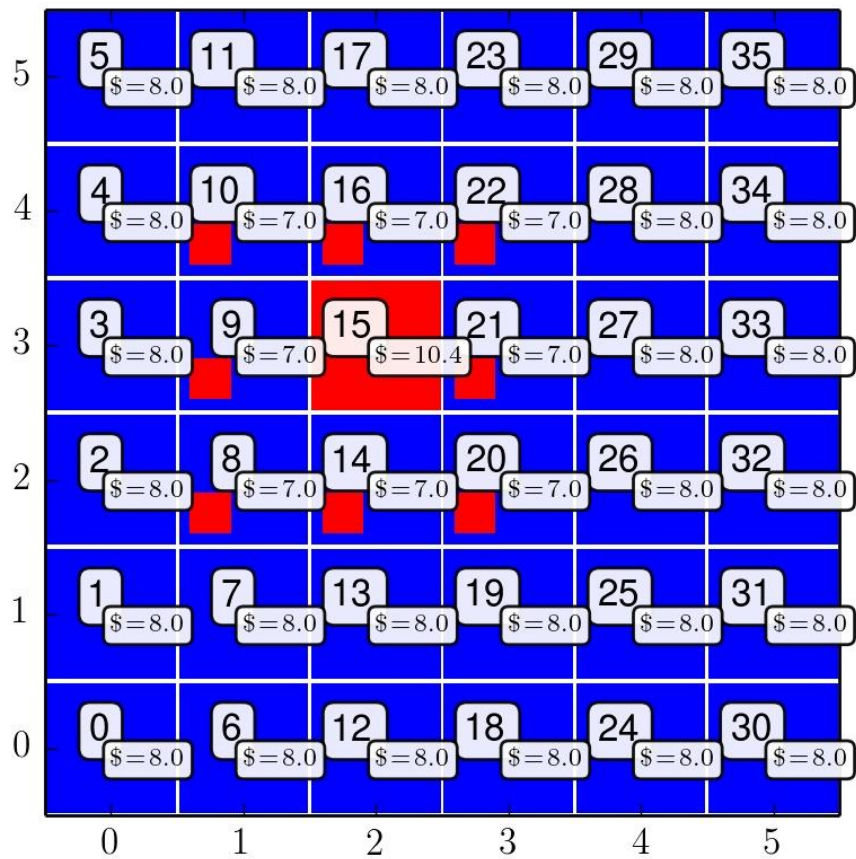
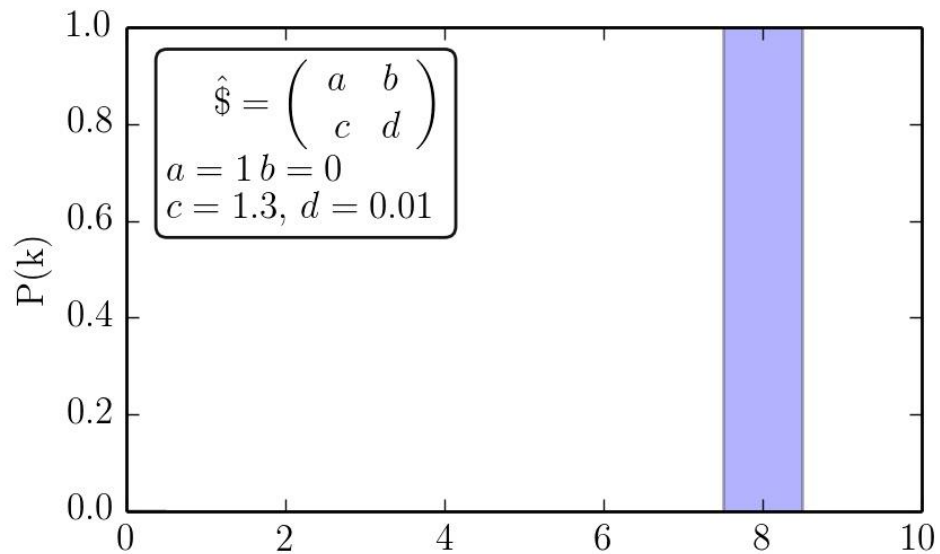
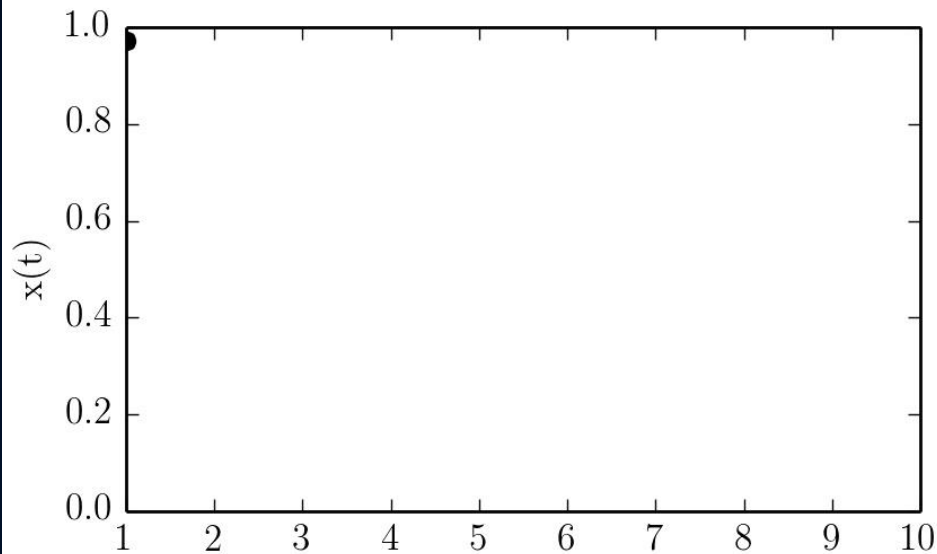
Update Rules und der Entscheidungsprozess

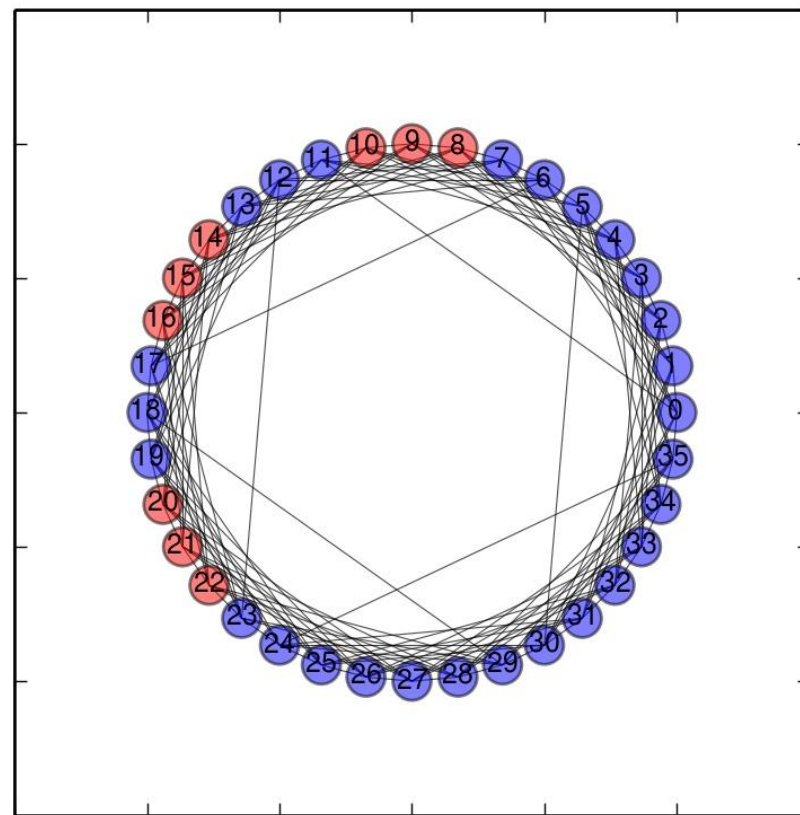
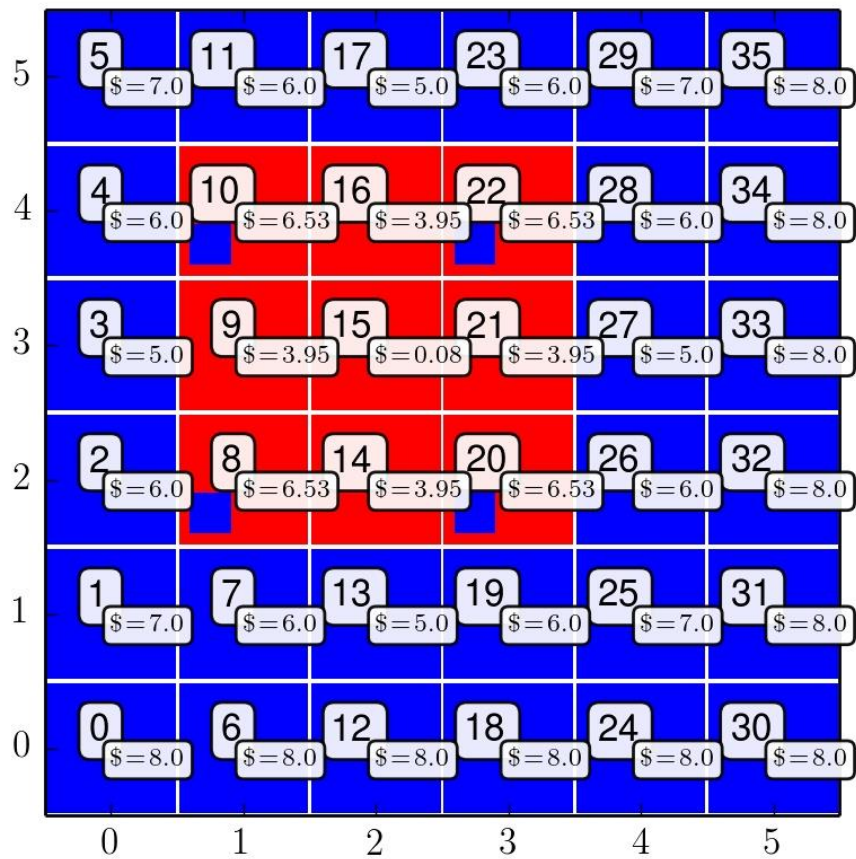
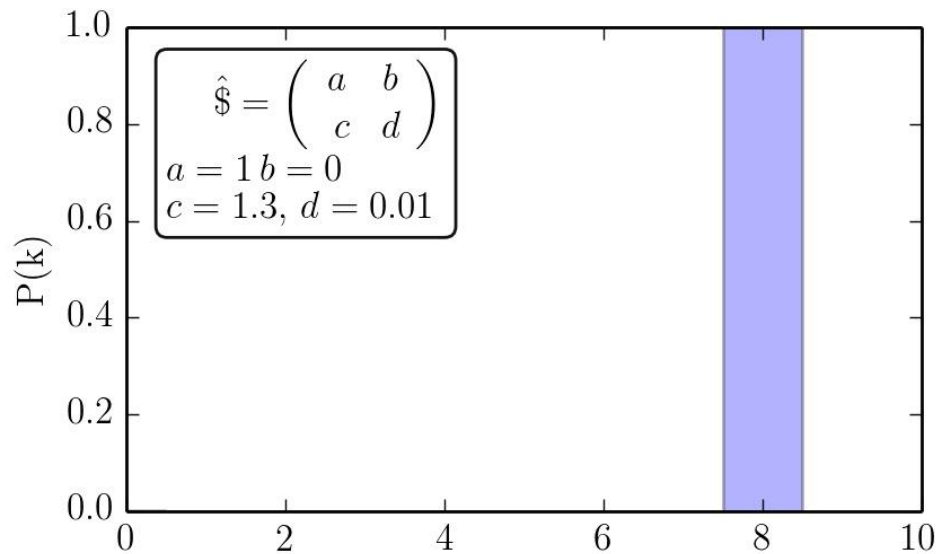
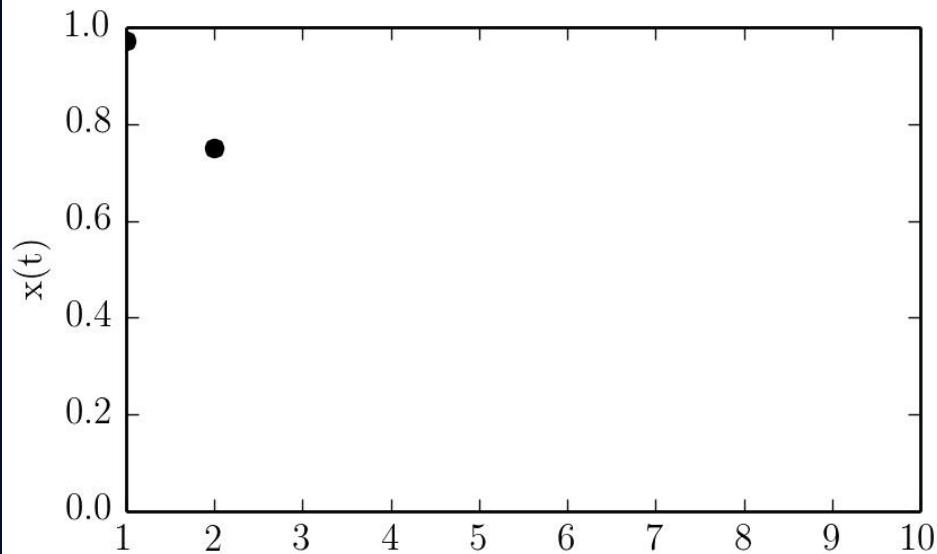
Spieler mit Knotennummer 8 hatte in der aktuellen Periode Strategie „blau“ gespielt und eine gesamte Auszahlung von $\$=7$ erhalten. Er wird in der nächsten Periode „rot“ spielen (siehe kleines rotes Kästchen), da einer seiner nächsten Nachbarn (Knoten 12) eine höhere Auszahlung als er hatte und dieser die Strategie „rot“ spielte.

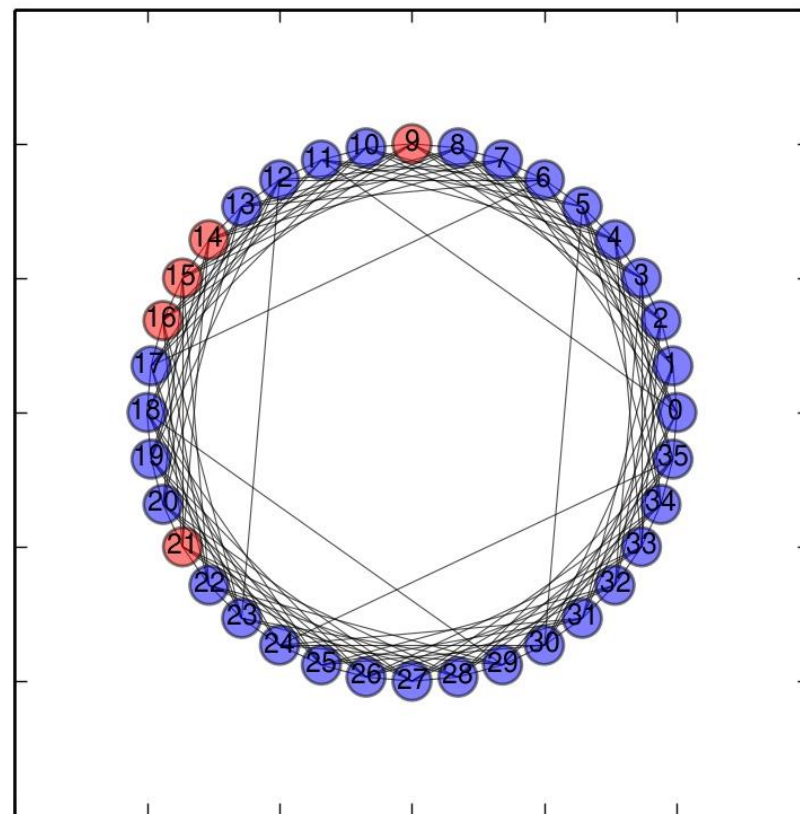
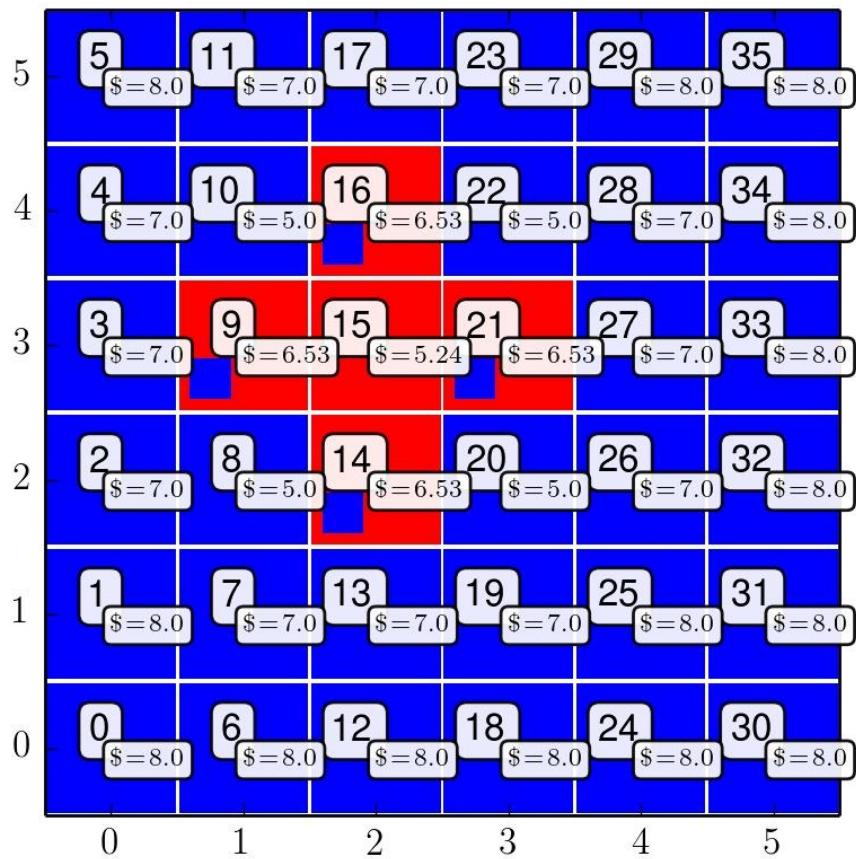
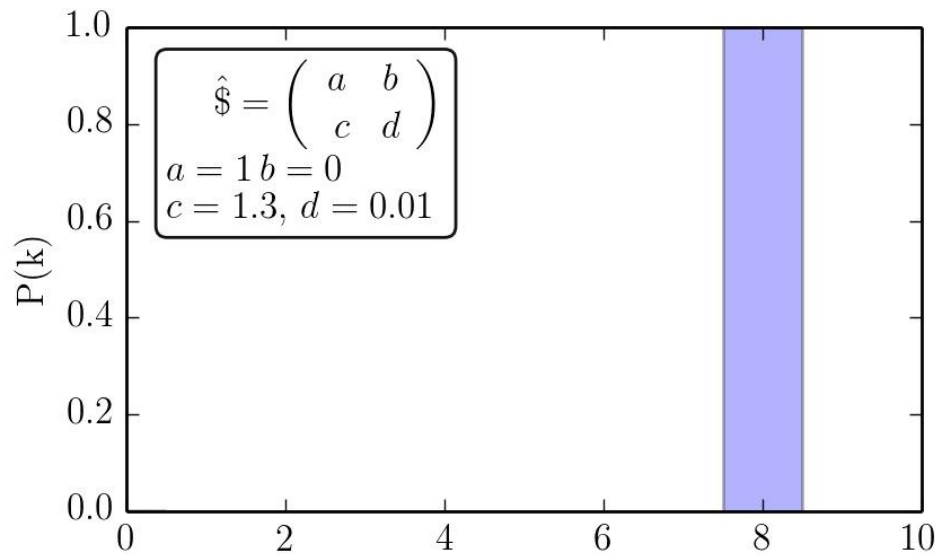
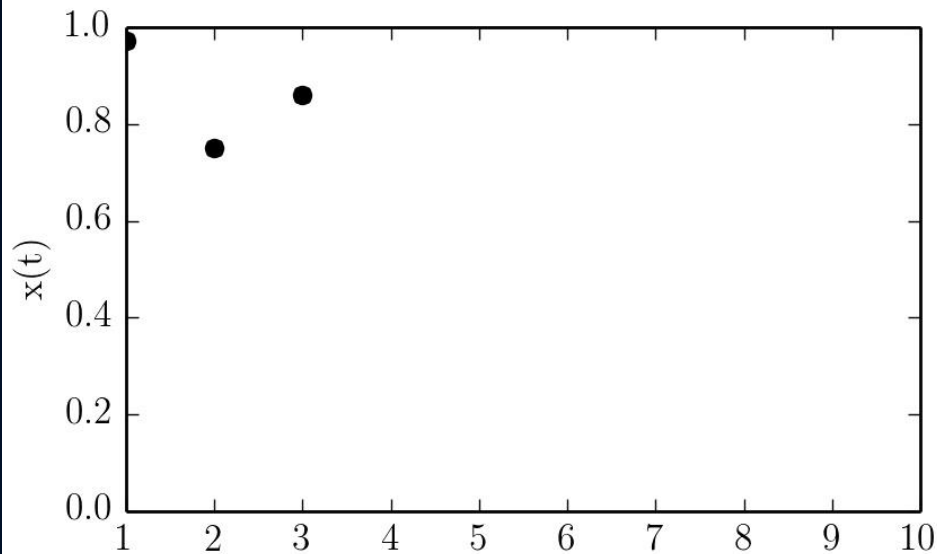
C=1.1

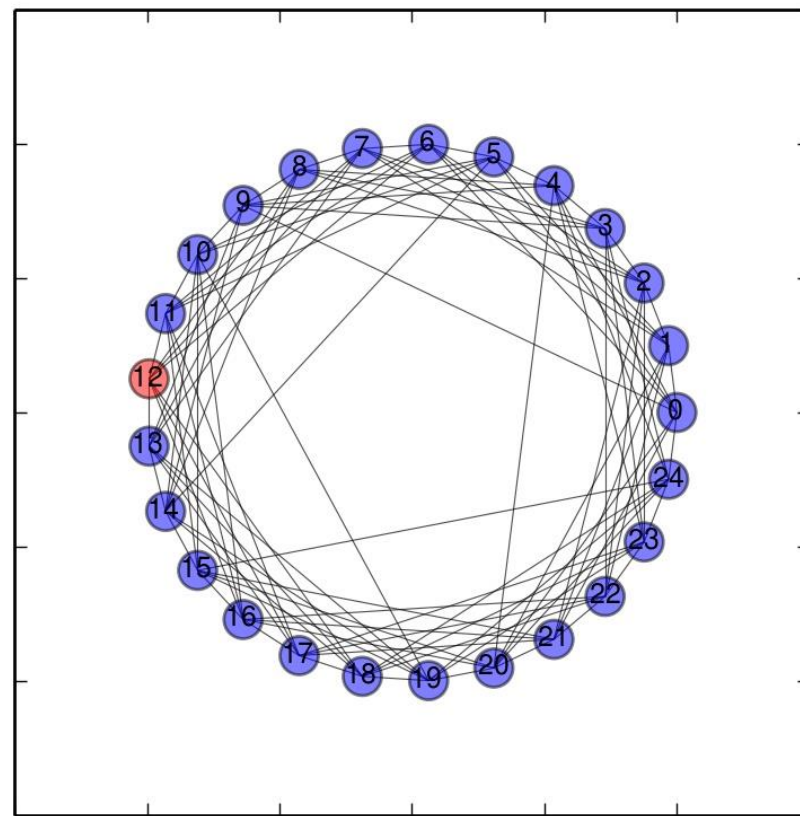
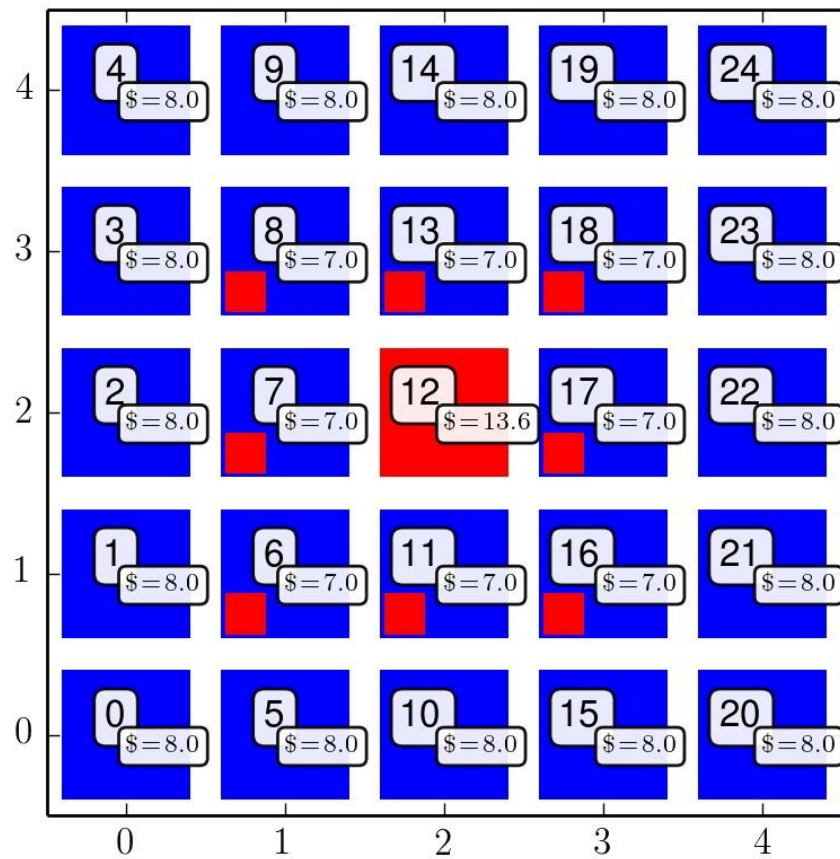
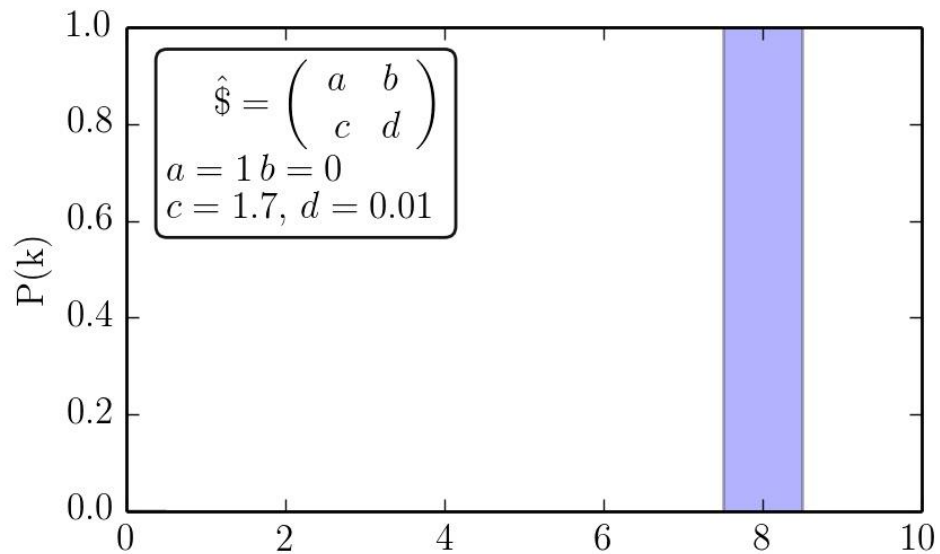
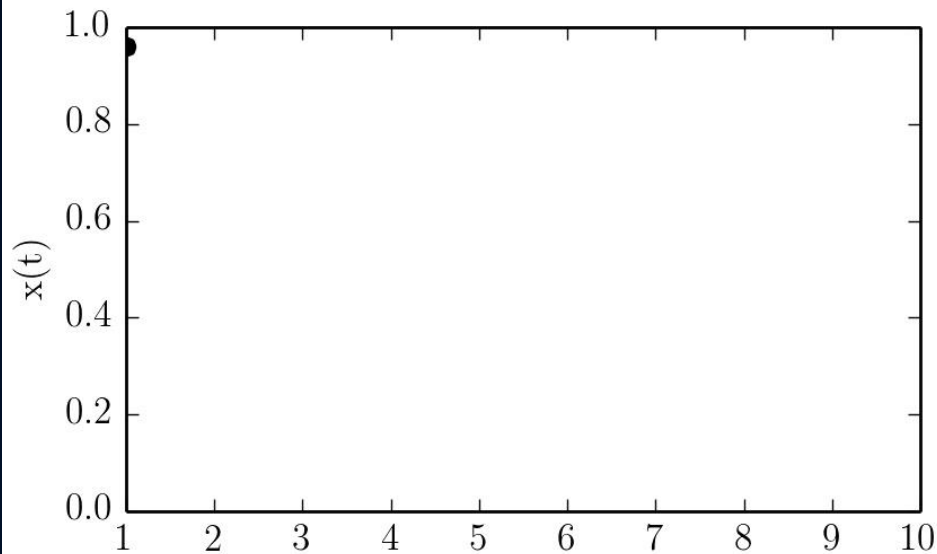


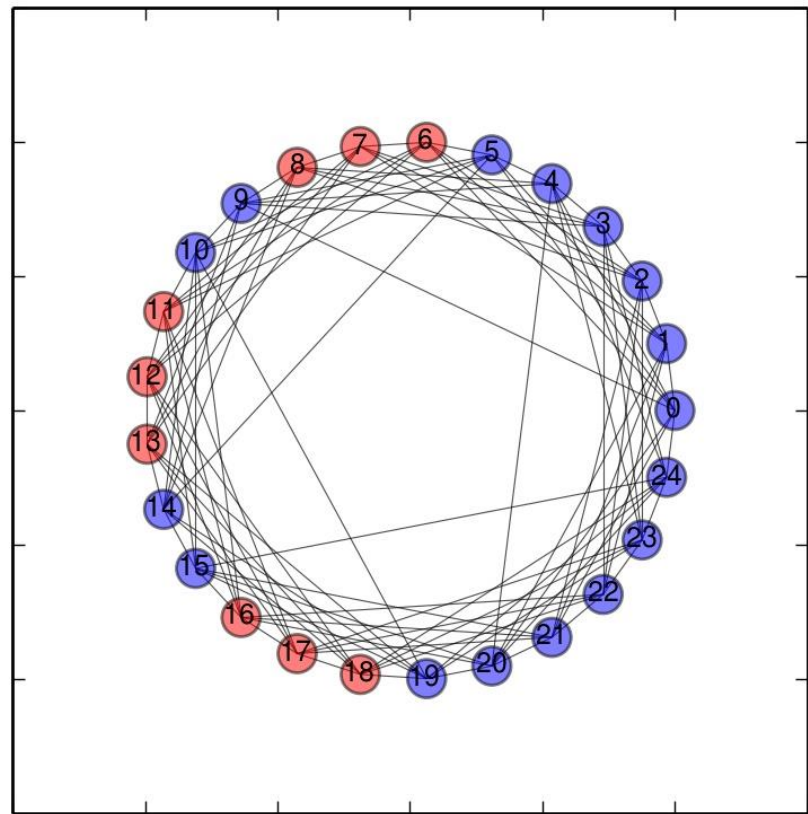
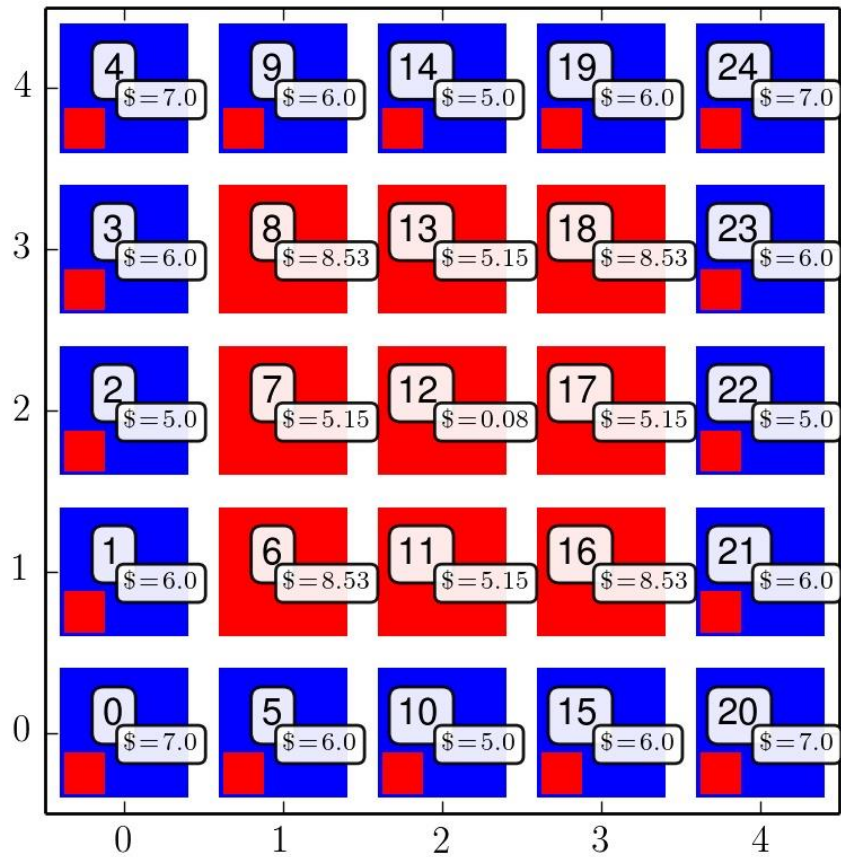
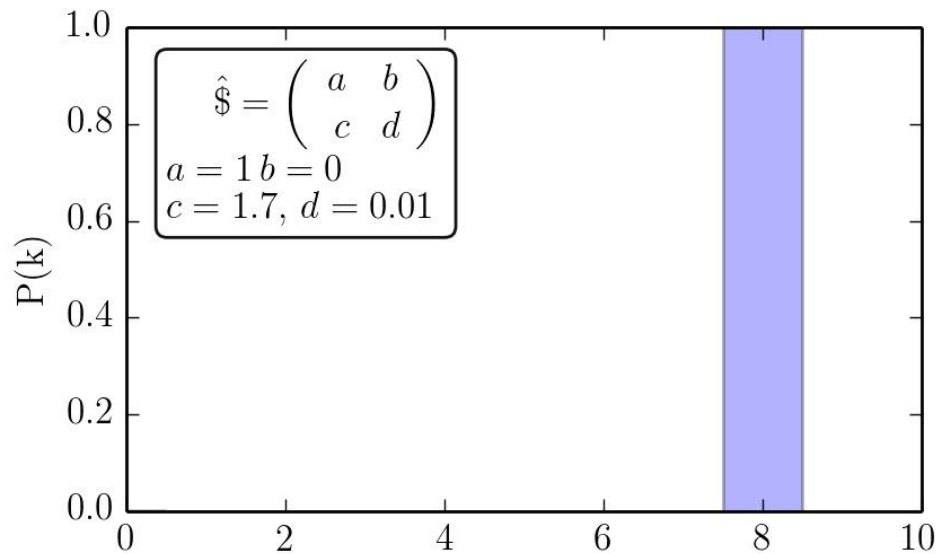
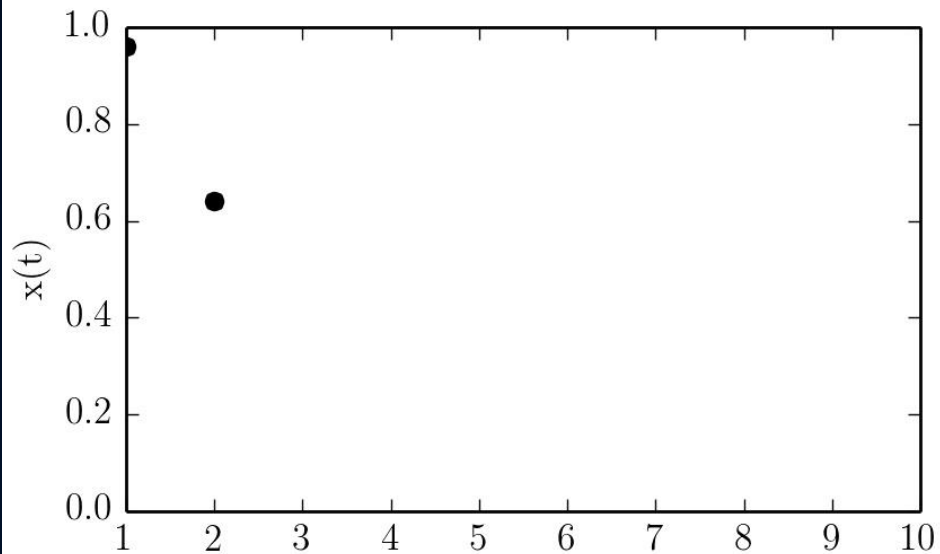


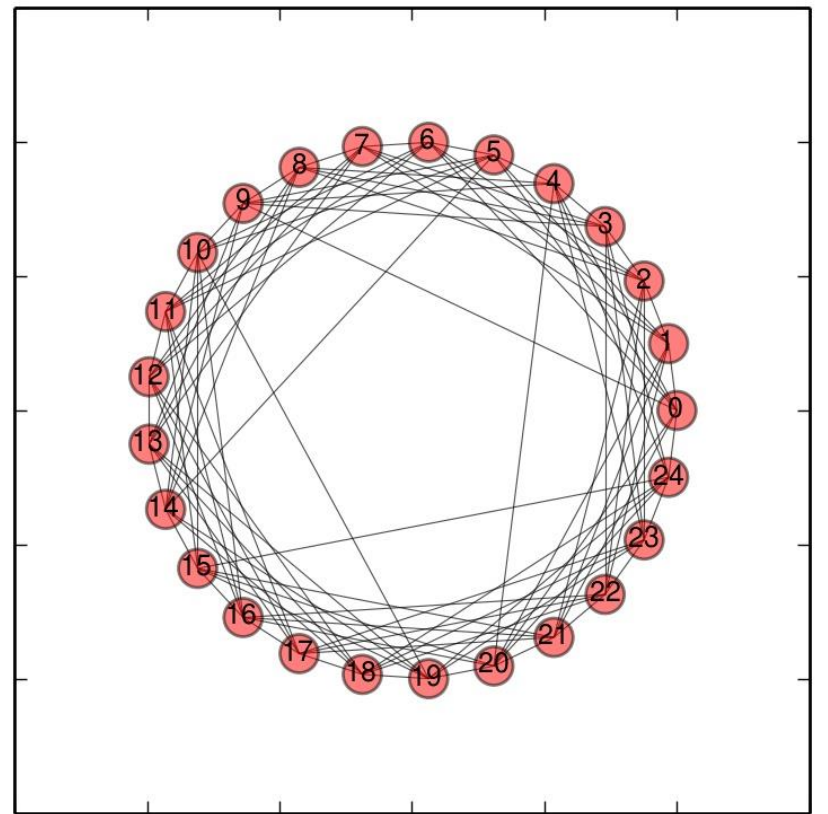
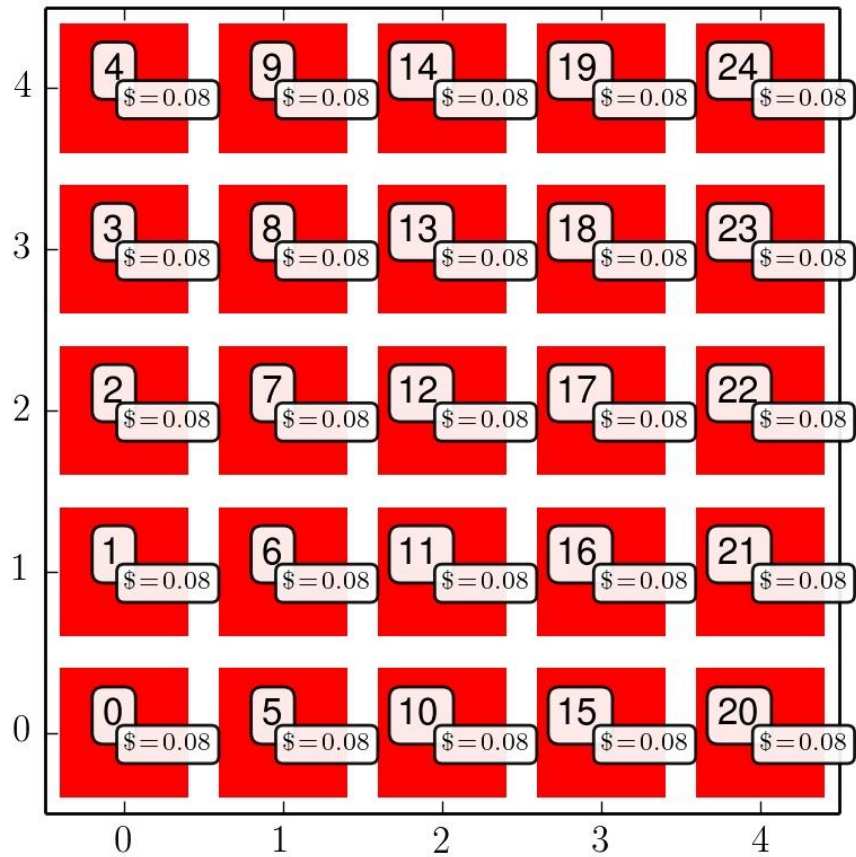
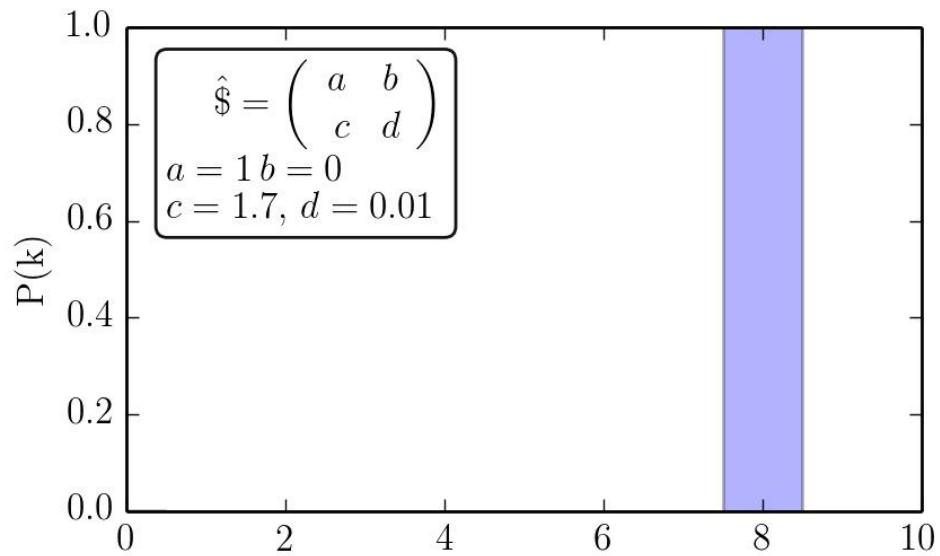
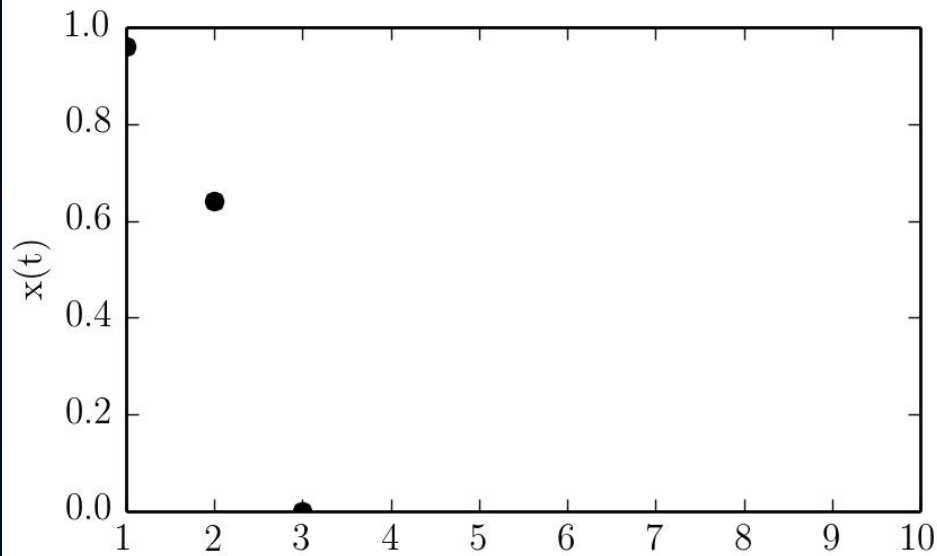




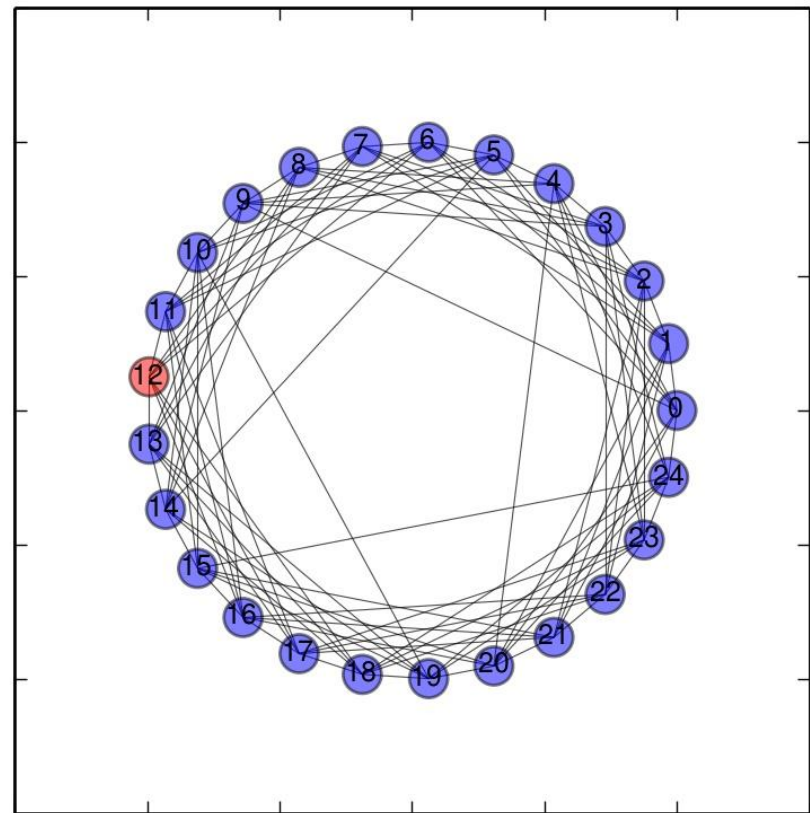
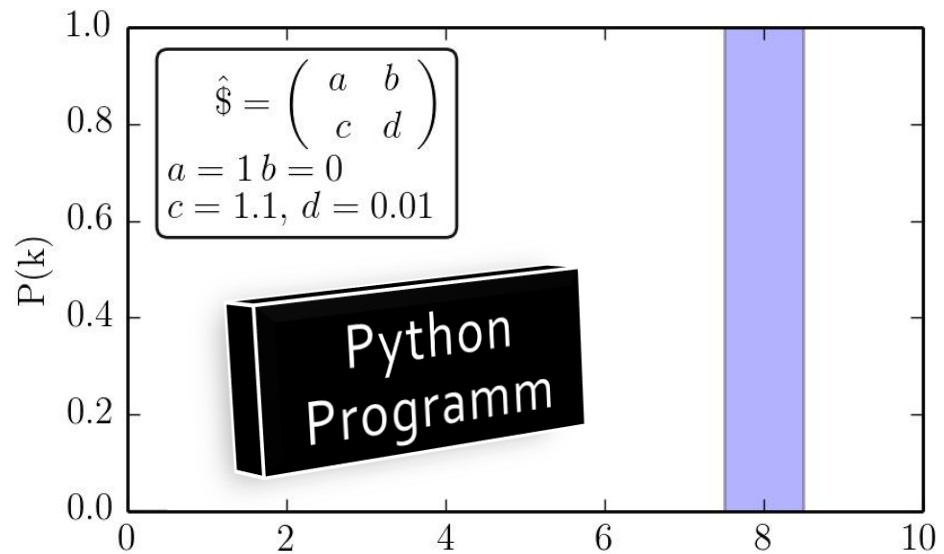
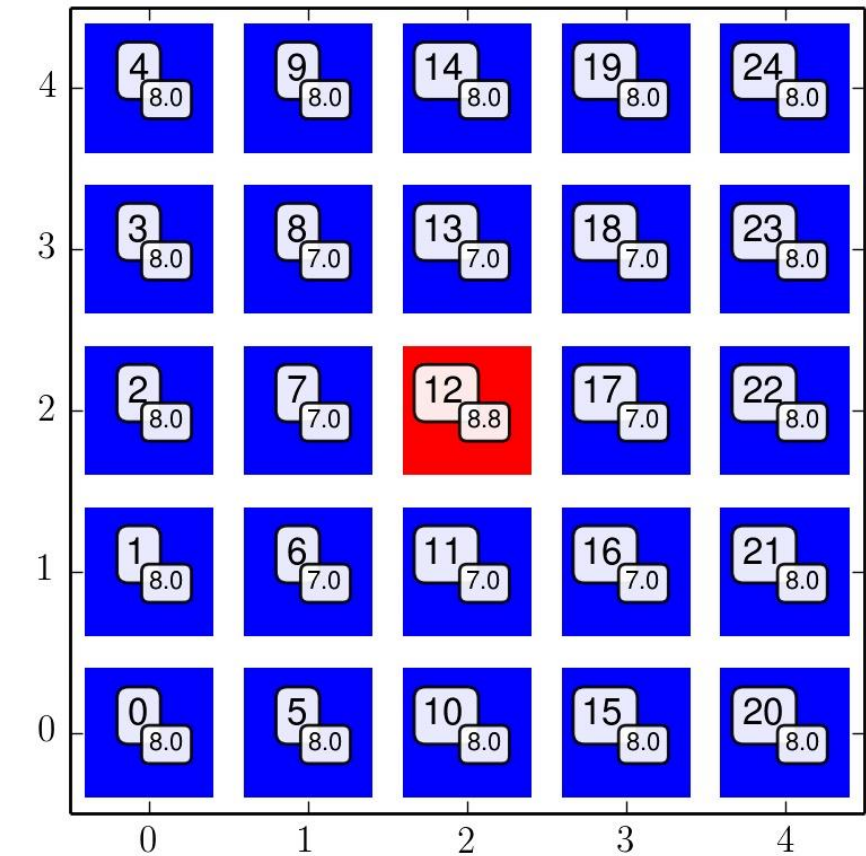




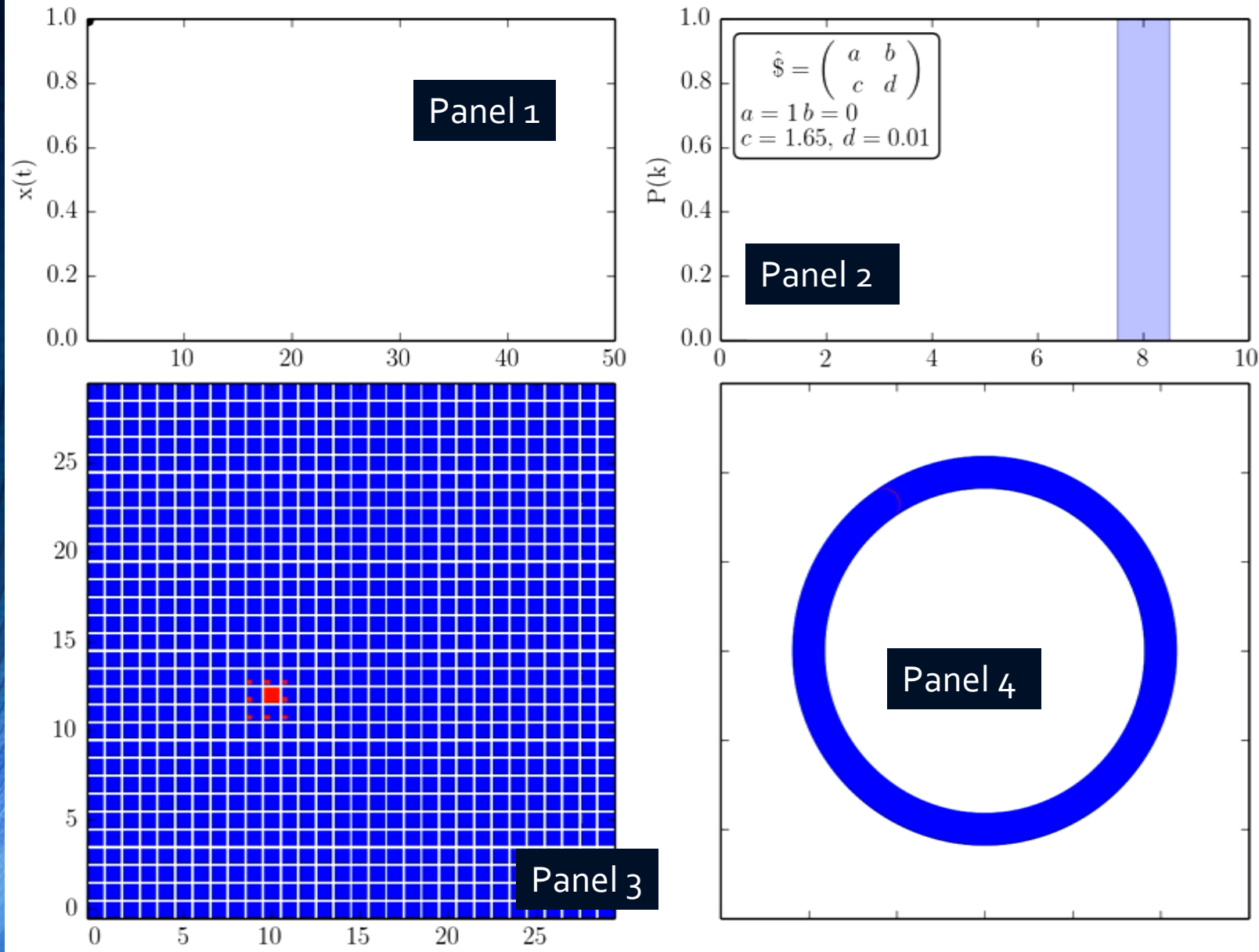




Bei größeren Spielermengen ist es vorteilhaft die Angaben des Knotengrades und die erzielte Auszahlung bei der Visualisierung nicht anzugeben. Die zukünftige Entscheidung ist hier nicht durch kleine Kästchen markiert.



Evolutionäre Spieltheorie auf komplexen Netzwerken



Das Python Programm visualisiert in vier unterschiedlichen „Panels“ die Evolution des „Spatial Games“. In Panel 1 wird die zeitliche Entwicklung des Populationsvektors $x(t)$ veranschaulicht. Panel 2 zeigt die Verteilungsfunktion der Knotengrade $P(k)$ des zugrundeliegenden Moorschen Netzwerks. Panel 3 zeigt die Entwicklung der Strategieentscheidung der einzelnen Spielerknoten in der benutzten räumlichen Anordnung. Panel 4 veranschaulicht dagegen die Menge der Spieler in einem Kreis, geordnet nach ihrer Knotenzahl.

Neben der Auszahlungsmatrix, den implementierten Update Rules und der zugrundeliegenden Netzwerkstruktur hängt die zeitliche Entwicklung auch von den gewählten Anfangsbedingungen ab (hier wurde ein roter Spieler in einem Umfeld von blauen Spieler angeordnet).

Jupyter Notebook: Evolutionäre räumliche Spiele *Klasse der dominanten Spiele*

Physik der sozio-ökonomischen Systeme mit dem Computer (Physics of Socio-Economic Systems with the Computer)

Vorlesung gehalten an der J.W.Goethe-Universität in Frankfurt am Main
(Wintersemester 2020/21)

von Dr.phil.nat. Dr.rer.pol. Matthias Hanauske
Frankfurt am Main 02.11.2020

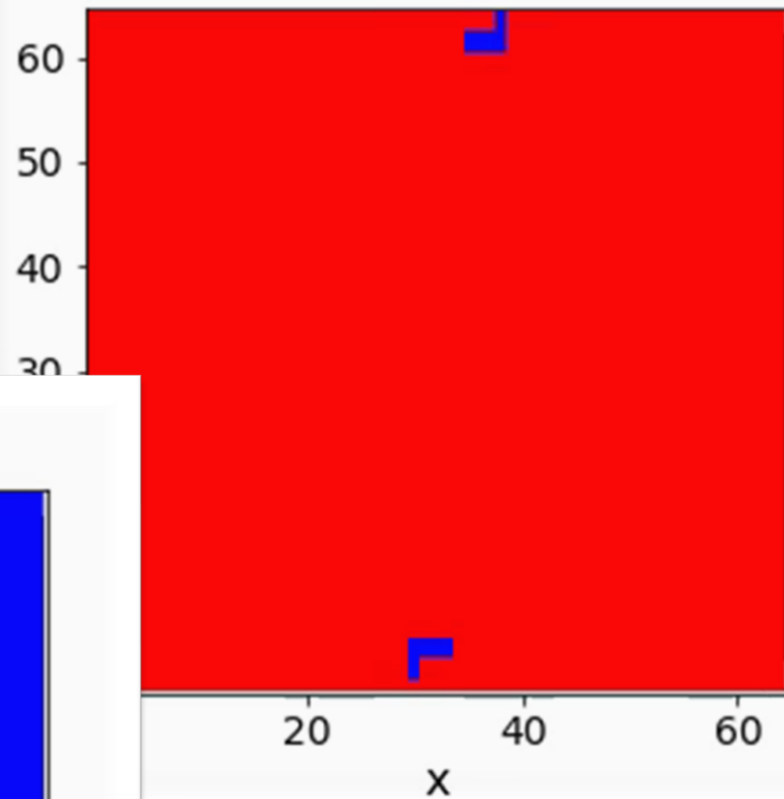
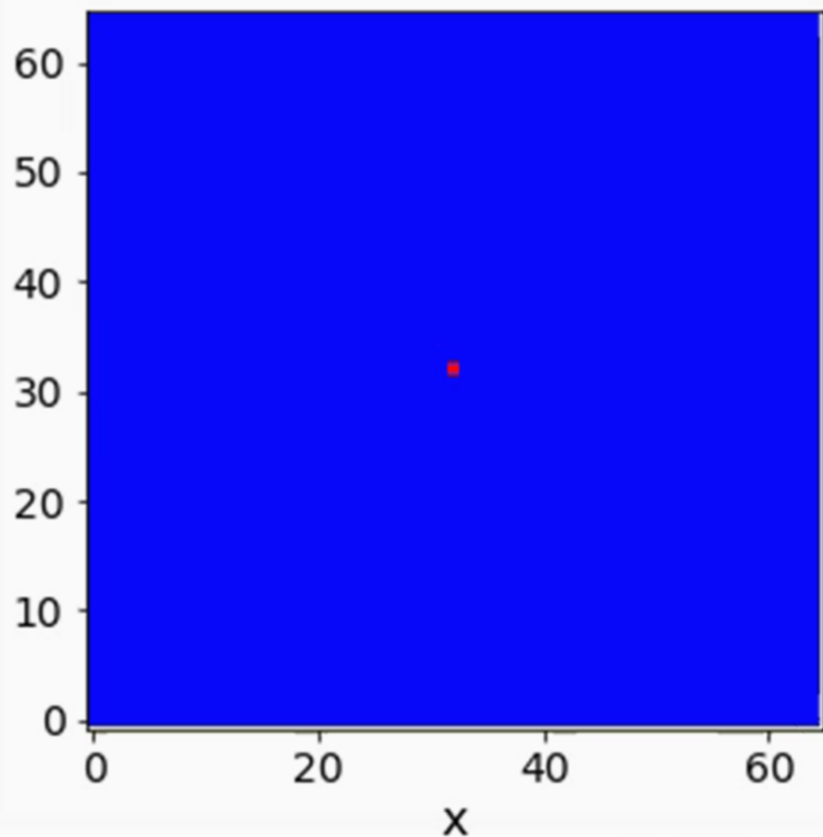
Dritter Vorlesungsteil:

Evolutionäre räumliche Spiele (spatial games)

Beispiel: Dominante Spiele

Einführung

Die Verknüpfung der Theorie komplexer Netzwerke (siehe Teil II
vielversprechendes mathematisches Modell dar, welches sowohl
Netzwerkforschung dienen kann. In diesem Kapitel wird die Vo



Jupyter Notebook: Evolutionäre räumliche Spiele Klasse der Koordinations- und Anti-Koordinationsspiele

Physik der sozio-ökonomischen Systeme mit dem Computer
(Physics of Socio-Economic Systems with the Computer)

Vorlesung gehalten an der J.W.Goethe-Universität in Frankfurt am Main
(Wintersemester 2020/21)

von Dr.phil.nat. Dr.rer.pol. Matthias Hanauske
Frankfurt am Main 02.11.2020

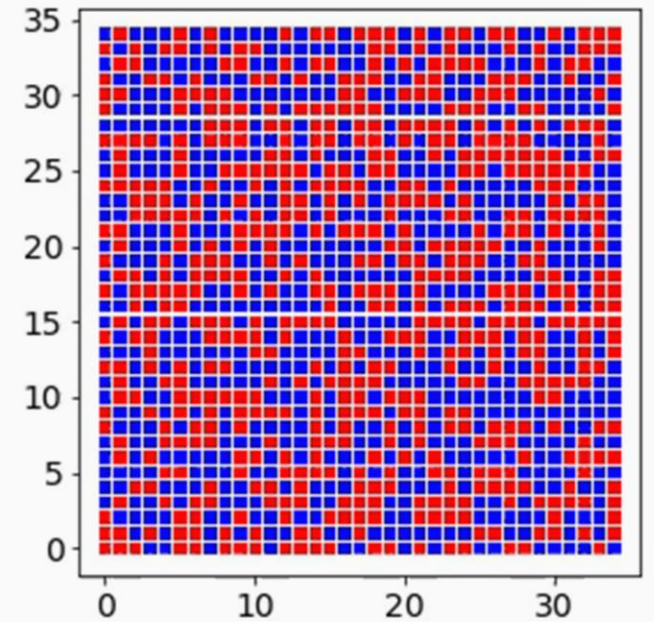
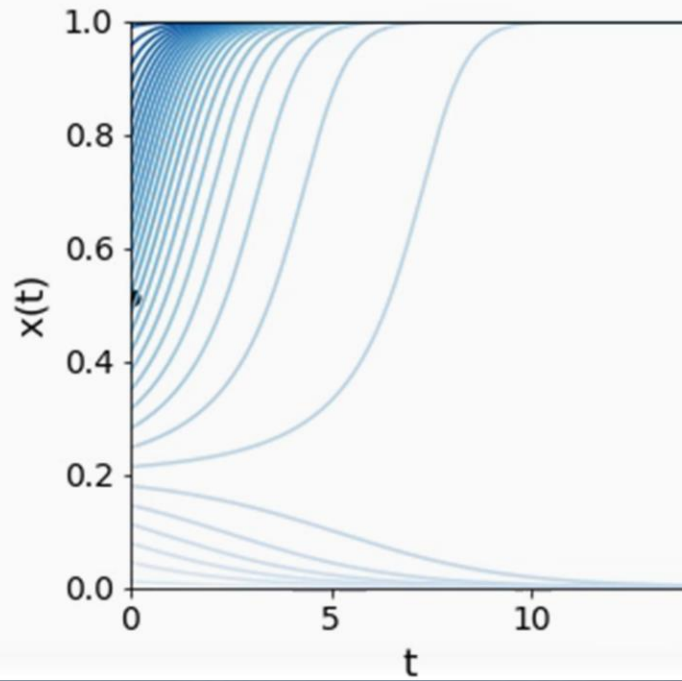
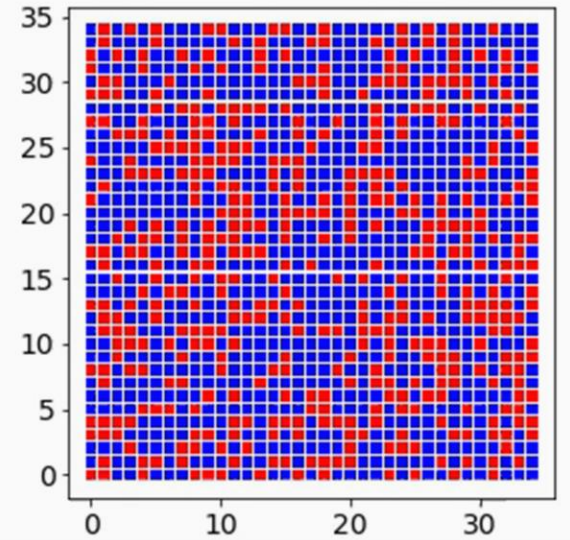
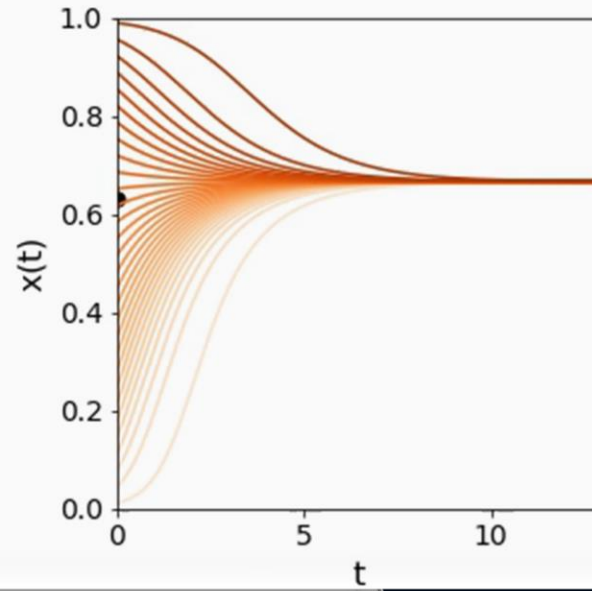
Dritter Vorlesungsteil:

Evolutionäre räumliche Spiele (spatial games)

Beispiel: Koordinations- und Anti-Koordinationsspiele

Einführung

Die Verknüpfung der Theorie komplexer Netzwerke (network theory) mit der Theorie der evolutionären räumlichen Spiele (spatial games) wird in diesem Kapitel durch ein mathematisches Modell dargestellt, welches die Netzwerkforschung dienen kann. In diesem Kapitel werden die evolutionären räumlichen Spiele (spatial games) numerischer, agenten-basierter Computersimulationen beschrieben. Die dann auf einem sozio-ökonomischen System basierenden Computersimulationen werden in den folgenden Kapiteln dargestellt.



Einführung in die Objekt-orientierte Programmierung

Die meisten Programmier Techniken, die wir bis jetzt kennengelernt haben, verwendeten den Programmwurfstil der *prozeduralen Programmierung* und wir benutzten meist die Programmiersprache Python bzw. verwendeten Python Jupyter Notebooks. Wir werden nun einerseits den Fokus immer mehr auf die Strukturierung von Programmen legen (das Programmierparadigma der objektorientierten Programmierung) und dies zunächst am Beispiel des in C++ integrierten Klassenkonzept beschreiben.

Das Konzept der objektorientierten Programmierung beruht auf der alltäglichen Erfahrung, dass man Objekte nach zwei Maßstäben beurteilt: Ein Objekt besitzt einerseits messbare Eigenschaften und ist aber auch andererseits über seine Verhaltensweisen definiert. Eine C++ Klasse ist ein benutzerdefinierter neuer Datentyp, der durch das Schlüsselwort 'class' gekennzeichnet wird und die gesamte Idee der objektorientierten Programmierung beruht gänzlich auf diesem Konzept der Klasse. In einer C++ Klasse werden die messbaren Eigenschaften des Objektes in Instanzvariablen (Daten-Member) gespeichert und durch Konstruktoren werden diese Daten-Member dann initialisiert. Die Verhaltensweisen des Objektes werden durch klasseninterne Funktionen, die sogenannten Member-Funktionen beschrieben. In dem folgenden Link werden die Grundlagen der Objekt-orientierten Programmierung und C++ Klassen allgemein vorgestellt und die dort besprochenen Konzepte werden in den nächsten Vorlesungen benutzt, um das Verhalten der Spieler auf einem komplexen Netzwerk in Objekt-orientierter Weise in den C++ und Python Programmen zu implementieren.

Einführung in die Programmierung

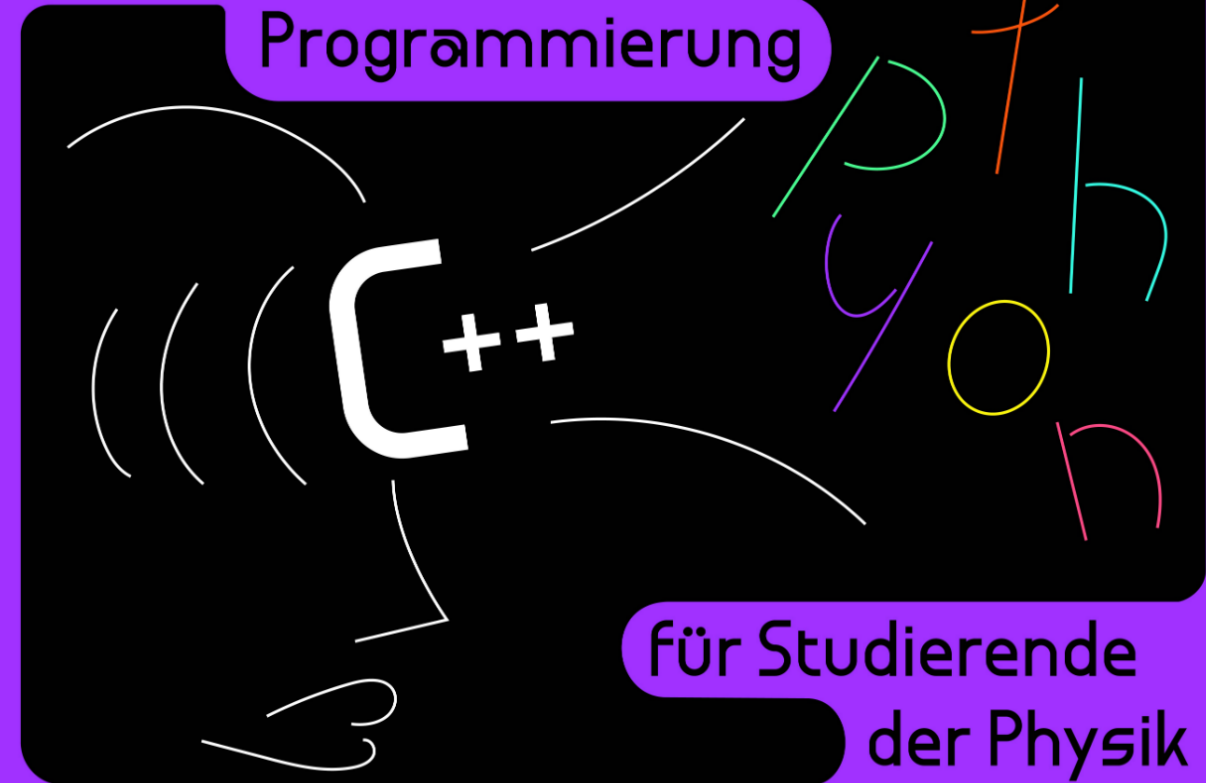


Illustration: Deborah Moldawski

Nächster Zoom Link am 14.07.2022, 14:00-16:00 Uhr: ID: 794 847 5614, PWD: 785453

Die Vorlesung *Einführung in die Programmierung für Studierende der Physik* stellt ein Pflichtmodul im Bachelor Studium Physik der Goethe-Universität Frankfurt dar. Bei regelmäßiger und erfolgreicher Teilnahme an den Übungen/Praktika erhalten Sie eine Zulassung zur Klausur. Den benoteten Schein und sechs Creditpoints erhält man schließlich bei bestandener Klausur. Falls Sie bereits in einem vergangenen Semester (nach der alten Studienordnung) die Zulassung zur Klausur erhalten haben, können Sie direkt an der abschließenden Klausur teilnehmen. Jedoch rate ich Ihnen, die Vorlesung und die Übungen/Praktika trotzdem nochmals zu belegen, da sich die Inhalte und Schwerpunkte zu den vergangenen Vorlesungen unterscheiden könnten.

Information zu den kommenden Vorlesungs- und Übungsterminen

Da die Goethe Universität am 23.12.2022 (letzter Vorlesungstag in diesem Jahr) geschlossen sein wird, wird diese „Weihnachtsvorlesung“ ausschließlich Online per Zoom stattfinden und die Übungsstunden entfallen.

Der nächste Vorlesungs- und Übungstermin am 16.12.2022 wird ebenfalls nur Online stattfinden. Dabei werden wir einen Teil der Übungsstunde darauf verwenden Python, Jupyter und C++ auf Ihrem eigenen System zu installieren, damit Sie die bisher besprochenen Vorlesungsthemen auch während der Vorlesungsfreien Zeit nacharbeiten können.

Ausblick: Vorlesungsprojekte

Am Ende dieser Vorlesungsreihe, beginnend ab Mitte Januar 2023, werden Sie an selbst gewählten Vorlesungsprojekten arbeiten. Diese studentischen Projekte können alleine oder in Gruppen (bis zu drei Personen) durchgeführt werden. Mögliche Projekt-Themen werden Anfang Januar auf der Internetseite der Vorlesung erscheinen.