

Aleksander KEMPSKI, Katarzyna HAJDOWSKA, Andrzej ŚWIERNIAK, Damian BORYS
Politechnika Śląska

GaTher3DEvo - OPROGRAMOWANIE DO PRZEPROWADZANIA SYMULACJI W OPARCIU O EWOLUCYJNĄ TEORIĘ GIER

Streszczenie. Przestrzenna teoria gier ewolucyjnych jest cennym narzędziem służącym do rozwiązywania problemów opierających się na informacjach rozproszonych w przestrzeni. Pomimo niekwestionowanej użyteczności w rozwiązywaniu problemów, brakuje szeroko dostępnych programów umożliwiających przeprowadzenie symulacji ewolucyjnych. Prezentujemy pierwszą publicznie dostępną aplikację do symulowania toeriogrowych modeli ewolucyjnych GaTher3DEvo [1].

GaTher3DEvo - SOFTWARE FOR SIMULATING SPATIAL GAME THEORY MODELS

Summary. Evolutionary game theory is a valuable tool dedicated for modelling problems using information distributed spatially. Despite of its usefulness in solving problems from multiple fields there is no publicly available software for performing such simulations. We present the first publicly available software for simulating evolutionary game theory models GaTher3DEvo [1].

1. Wstęp

Teoria gier jest użyteczną dziedziną matematyki, udostępniającą narzędzia do rozwiązywania problemów podejmowania decyzji w naukach, inżynierii i medycynie [5, 15, 7]. Ewolucyjna teoria gier (ETG) [10] umożliwia przeprowadzanie symulacji w oparciu o zmieniające się w czasie decyzje (klasy) w poszczególnych punktach w przestrzeni dyskretnej. Każdy punkt może zmienić swoje przypisanie do danej klasy w oparciu o klasy sąsiadów, tak by zminimalizować wyniki dawane przez założony model matematyczny. Prezentowana analiza jest szczególnie użyteczna podczas modelowania epidemiologicznego lub systemów biologicznych.

Wykorzystując zagadnienia teorii gier do rozwiązywania problemów biologii systemów, zdefiniowane strategie mogą być interpretowane jako różne fenotypy, a ich macierze wypłat jako miary sukcesu reprodukcji [9, 3]. W zależności od dobrania parametrów modelu oraz rodzaju symulacji możliwa jest obserwacja ewolucyjnego stanu stabilności (ESS), podczas którego alokacja fenotypów pozostaje niezmienna [12].

Symulacja przeprowadzana jest w dyskretnej domenie czasu, a w każdym punkcie czasowym fenotyp N komórek jest aktualizowany. Komórki zostają wybrane przez algorytm śmiertelności, a następnie ich alokacja do poszczególnych fenotypów zostaje

zaktualizowana przez wybraną metodę reprodukcji w oparciu o macierz wypłat. Wypłata jest wyliczana dla każdej komórki osobno na podstawie strategii obranej przez nią kontra fenotypów sąsiadujących z nią komórek. ETG umożliwia symulację zmiany alokacji fenotypów komórek w oparciu o strategię komórek sąsiadujących, umożliwiając rozwiązywanie problemów z zakresu przestrzennej zmiany stanu w domenie dyskretnej. Zmiany populacyjne (zazwyczaj śledzone pod postacią częstotliwości występowania) [14] często są wyrażane pod postacią równań replikatorów.

Jedyną limitacją klasycznych metod ewolucyjnych jest założenie o idealnie jednorodnej mieszaninie fenotypów [11]. Przestrzenne gry adresują ten problem poprzez ograniczenie interakcji tylko i wyłącznie do lokalnego sąsiedztwa [2, 4], a alokacja samych fenotypów może być binarna (1 rodzaj fenotypu całkowicie okupuje komórkę) lub mieszana. GaTher3DEvo umożliwia pełne przeprowadzenie symulacji teoriogrowej zarówno w dwóch, jak i w trzech wymiarach. Następnie dołączony moduł wizualizacyjny umożliwia pełną wizualizację i analizę statystyczną otrzymanych tensorów alokacji.

2. Materiały i metody

2.1. Przestrzenna symulacja teoriogrowa - skrócony opis

Algorytm symulacji zaczyna się od zainicjalizowania tensora alokacji fenotypów (w zależności od wymiaru rozpatrywanego problemu 3 lub 4 rzędu). Początkowa alokacja może być wylosowana wedle określonego rozkładu, lub wczytana z wcześniej zapisanego pliku. GaTher3DEvo wspiera zarówno binarną, jak i mieszaną alokację fenotypową dla każdej z komórek. Z racji tego, że alokacja binarna może być rozważana jako podkategoria alokacji mieszanej, operacje na komórkach nie różnią się pod kątem matematycznym ani implementacyjnym.

Każdy rozważany problem $\mathbf{K}$ fenotypów o długości populacji $\mathbf{M}$ ma zdefiniowane $\mathbf{K}$ tensorów alokacji $\mathbf{G}$ o wymiarach $\mathbf{M} \times \mathbf{M}$ (dla problemów dwuwymiarowych) lub $\mathbf{M} \times \mathbf{M} \times \mathbf{M}$ (dla problemów trójwymiarowych). Wartość każdej komórki zawiera się w zakresie $[0, 1]$ (równanie 1), a suma fenotypów dla każdej komórki musi być równa 1 (równanie 2). Dla uproszczenia zapisu notacja $G_i[p]$ oznacza alokację komórki o indeksie p do fenotypu p .

$$G \in < 0; 1 >_{M_1 \times \dots \times M_N} \quad (1)$$

$$\sum_{i=1}^K G_i = 1_{M_1 \times \dots \times M_N} \quad (2)$$

Wartości wypłat dla każdej komórki, obliczone na podstawie macierzy wypłat (definicja problemu teoriogrowego), tworzą tensor fitnessu $F \in R^{N_1 \times \dots \times N_M}$, którego wartości odpowiadają wartościom wypłat dla każdej komórki. Założeniem algorytmu jest lokalna maksymalizacja wartości tensora F . Zakładając macierz wypłat $f(i, j)$, gdzie i jest równe fenotypowi wybranej komórki, a j odpowiada fenotypowi wybranego sąsiada, wartości w tensorze fitnessu wyliczane są na podstawie wzoru 3. Wartość fitnessu dla komórki p jest liczona na podstawie jej alokacji oraz wszystkich otaczających ją sąsiadów H .

$$F[p] = \sum_{q \in H} \sum_{i=1}^K \sum_{j=1}^K f(i, j) * G_i[p] * G_j[q] \quad (3)$$

Po obliczeniu tensora fitnessu komórki są wybierane z pomocą metody śmiertelności i ich alokacja do fenotypów jest aktualizowana z pomocą metody reprodukcji. Proces jest iteracyjnie powtarzany, aż maksymalna liczba epok zostanie osiągnięta.

2.2. Konfigurowalne elementy symulacji

Celem metody **śmiertelności** jest wybranie komórek do zastąpienia w kolejnym etapie.

- Asynchroniczna - jedna losowo wybrana komórka jest zastępowana w kolejnym etapie
- Synchroniczna - wszystkie komórki są zastępowane;
- Półsynchroniczna - Każda komórka może zostać zastąpiona z określonym prawdopodobieństwem (zazwyczaj 5%).

Reprodukcja komórek polega na aktualizacji alokacji fenotypów.

- Deterministyczna - zastępowanie wybranej komórki przez sąsiadującą komórkę z największą wartością fitness. Komórka jest zastępowana, nawet jeżeli komórka sąsiadująca ma niższą wartość fitness lub wartość fitness aktualizowanej komórki ma ulec zmniejszeniu.
- Probabilistyczna - Zastąpienie fenotypu komórki przez losowo wybrany fenotyp komórek sąsiadujących, gdzie prawdopodobieństwo wybrania każdej z komórek jest proporcjonalne do jej wartości fitness.
- Ważona - wartość wybranej komórki jest zastąpiona średnią ważoną wszystkich sąsiadujących komórek względem ich wartości fitness. Ważona metoda reprodukcji jest możliwa tylko przy mieszanej alokacji fenotypów.

Sąsiedztwo komórek pozwala na określenie lokalności problemu do zoptymalizowania. Sąsiedztwo von Neumanna (określane z pomocą odległości Manhattan równej 1) zwraca 4 komórki dla problemów dwuwymiarowych oraz 6 sąsiadujących komórek dla problemów trójwymiarowych. Sąsiedztwo Moora (określane z pomocą odległości Chebysheva równej 1) określa 8 komórek jako sąsiadujące w problemach dwuwymiarowych oraz 26 w trójwymiarowych.

GaTher3DEvo umożliwia użycie funkcji zasobów zmieniającej wartości macierzy wypłat. Może ona służyć do zmian wartości w każdej postępującej iteracji lub w zależności od lokalnych lub globalnych proporcji pomiędzy fenotypami.

3. Wyniki

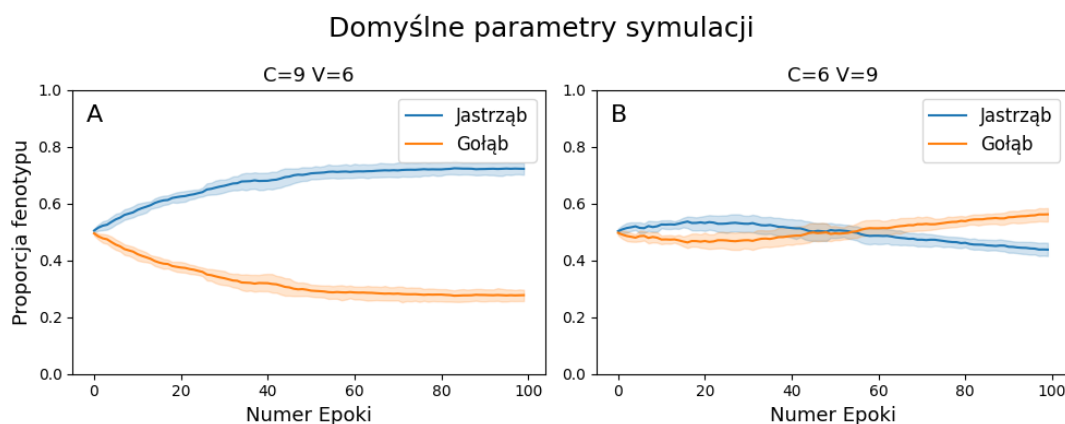
Metody zostały porównane poprzez modyfikowanie poszczególnych opcji w celu obserwacji zmian w dobrze opisanych problemach w literaturze. Domyślna symulacja składa się z dwóch wymiarów i populacji o boku długości 10. Sąsiedztwo jest domyślnie określane z pomocą metody von Neumanna. Domyślnie używana reprodukcja jest deterministyczna, a śmiertelność jest półsynchroniczna z prawdopodobieństwem 5%. Każda symulacja jest powtarzana pięciokrotnie, a proporcje fenotypów są raportowane w postaci wykresów średnich z 95% przedziałami ufności dla każdego punktu.

Początkowe porównanie dostępnych metod zostało przeprowadzone z pomocą problemu jastrzębia i gołębia, który jest klasycznym problemem służącym do porównywania zagadnień z dziedziny teorii gier. Model ten zakłada dwa fenotypy konkurujące ze sobą o zasoby. Model definiowany jest przez dwa parametry: V odpowiadający za zasób będący przedmiotem sporu oraz C – koszt walki o zasób. Model został przedstawiony w tabeli 1.

Tabela 1
Macierz wypłat dla problemu
jastrzębia i gołębia.

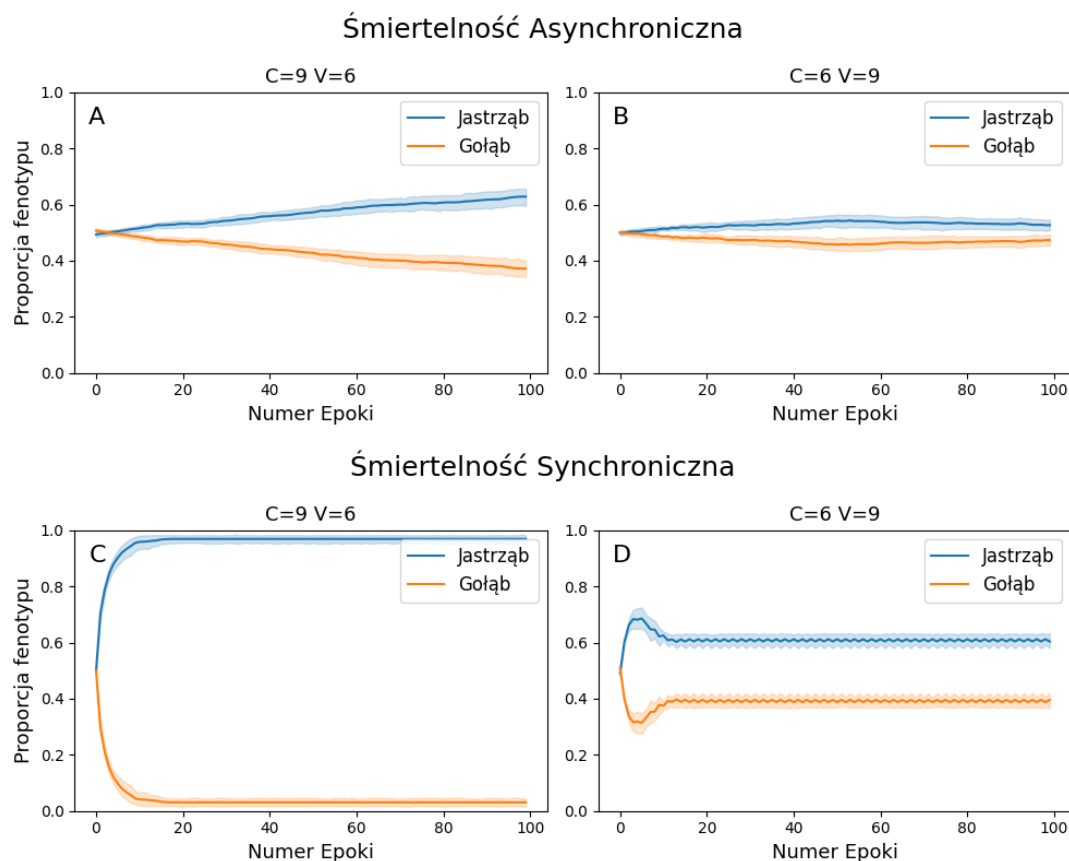
	Jastrząb	Gołąb
Jastrząb	$\frac{V-C}{2}, \frac{V-C}{2}$	$V, 0$
Gołąb	$0, V$	$\frac{V}{2}, \frac{V}{2}$

Problem jastrzębia i gołębia może przybierać dwie standardowe formy. W pierwszej współczynnik V jest znacząco większy od współczynnika C , a w drugiej współczynnik C jest większy lub równy współczynnikowi V . W pierwszej kombinacji parametrów jastrzębie powinny dominować nad gołębiami, a w drugiej nie powinny osiągnąć dominacji, gdyż konkurencja pomiędzy jastrzębiami jest zbyt silna. Założenia modelu są potwierdzone przez symulację w domyślnych parametrach (rys. 1).



Rys. 1. Szeregi czasowe przedstawiające zmiany proporcji pomiędzy fenotypami w problemie jastrzęb-gołąb dla domyślnych parametrów symulacji. A: symulacja dla macierzy promującej zasób $C = 6$, $V = 9$. B: symulacja dla macierzy promującej spór $C = 9$, $V = 6$.

Po zmianie rodzaju śmiertelności na asynchroniczną obserwujemy bardzo wolne zmiany alokacji fenotypów (rys. 2A; 2B). Synchroniczna reprodukcja (rys. 2C; 2D) natomiast osiąga finalny stan już po kilku iteracjach. Symulacje osiągnięte tą metodą mają tendencję do wpadania w oscylacje i nieosiągania globalnego maksimum, lecz idealnie nadają się do symulowania chaotycznych i nagłych zdarzeń.

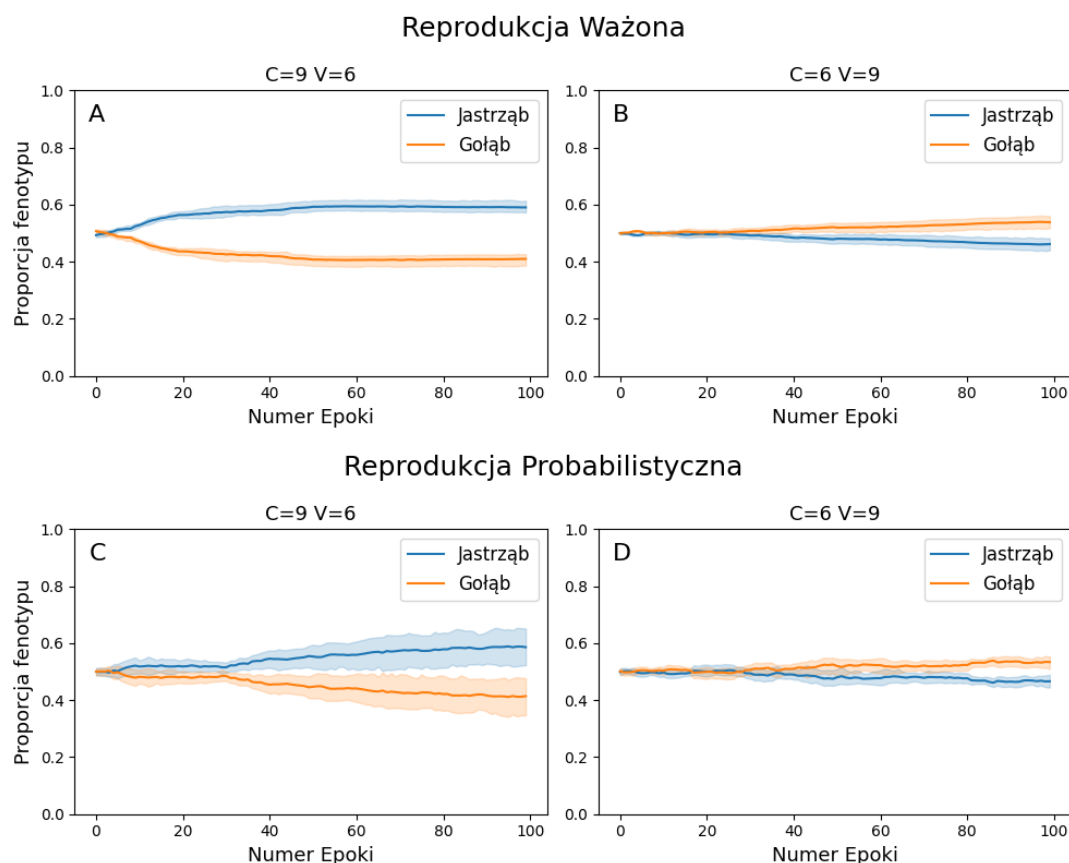


Rys. 2. Szeregi czasowe przedstawiające zmiany proporcji między fenotypami w problemie jastrząb–gołąb. Rysunki A i B przedstawiają wyniki symulacji dla śmiertelności asynchronicznej, a rysunki C i D przedstawiają wyniki symulacji dla śmiertelności synchronicznej. A; C: symulacja dla macierzy promującej zasób $C = 6$, $V = 9$. B; D: symulacja dla macierzy promującej spór $C = 9$, $V = 6$.

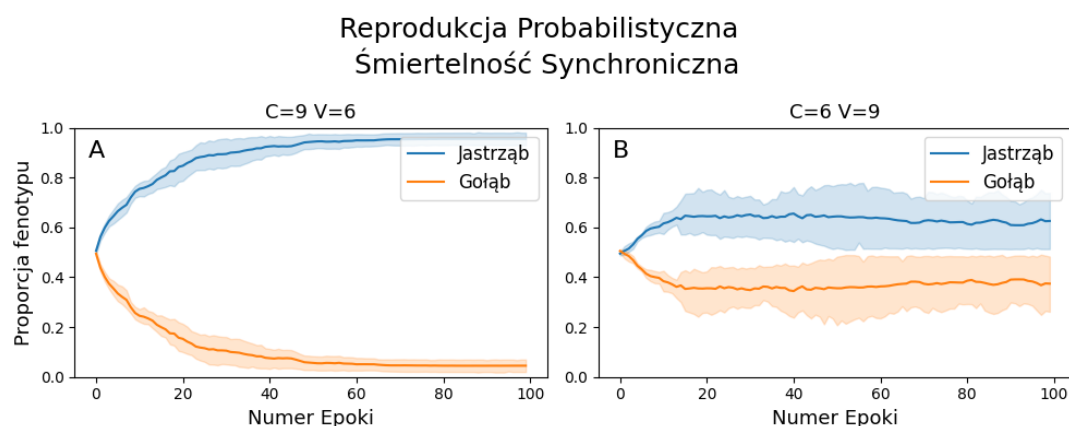
Zmiana typu reprodukcji na ważoną (rys. 3A; 3B) powoduje lepsze mieszanie się fenotypów w komórkach, przez co jastrzębie nie osiągają całkowitej dominacji nad gołębiami. Probabilistyczna metoda reprodukcji (rys. 3C; 3D) umożliwia opuszczanie lokalnych minimów. Nie jest ona jednak w stanie osiągnąć stabilności i oczekiwanych proporcji przy założonej metodzie śmiertelności. Po zmianie śmiertelności na synchroniczną metoda probabilistyczna (rys. 4A; 4B) spełnia założenia modelu.

4. Dyskusja

GaTher3DEvo to otwarte oprogramowanie dedykowane do przeprowadzania przestrzennych symulacji ewolucyjnych z zakresu teorii gier z wbudowanym wsparciem dla trójwymiarowych problemów. W kontraście do istniejących już narzędzi, które ograniczają użytkownika do analizy dwuwymiarowej lub wymagają specjalistycznej



Rys. 3. Szeregi czasowe przedstawiające zmiany proporcji między fenotypami w problemie jastrząb–gołąb. Rysunki A i B przedstawiają wyniki symulacji dla reprodukcji ważonej, a rysunki C i D przedstawiają wyniki symulacji dla reprodukcji probabilistycznej. A; C: symulacja dla macierzy promującej zasób $C = 6$, $V = 9$. B; D: symulacja dla macierzy promującej spór $C = 9$, $V = 6$.



Rys. 4. Szeregi czasowe przedstawiające zmiany proporcji między fenotypami w problemie jastrząb–gołąb. Rysunki przedstawiają przebieg symulacji z probabilistyczną reprodukcją i synchroniczną śmiertelnością. A: symulacja dla macierzy promującej zasób $C = 6$, $V = 9$. B: symulacja dla macierzy promującej spór $C = 9$, $V = 6$.

wiedzy informatycznej, GaTher3DEvo oferuje interfejs graficzny, który ułatwia tworzenie i analizę stworzonych scenariuszy. Użytkownicy mogą dowolnie definiować nowe macierze wypłat wykorzystujące funkcje zasobów, co czyni nasze oprogramowanie użytecznym w wielu gałęziach przemysłu, biologii i medycyny, będąc szczególnie użytecznym podczas modelowania przestrzennych cech heterogeniczności guza [6, 13, 15]. Oprogramowanie symuluje zmiany dowolnej liczby fenotypów, wykorzystując binarne i mieszane gry [8] w dwu- i trójwymiarowych przestrzeniach dyskretnych z konfigurowalną śmiertelnością, metodą reprodukcji i strukturą sąsiedztwa. Te cechy zapewniają solidną platformę do badania ewolucyjnych problemów dynamicznych w ustrukturyzowanych populacjach.

LITERATURA

1. <https://github.com/aKempski01/3dEVO-python>.
2. Bach L. A., Sumpter D. J. T., Alsner J., Loeschcke V.: Spatial evolutionary games of interaction among generic cancer cells, *Journal of Theoretical Medicine*, 2003, vol. 5(1) p. 47–58.
3. Basanta D. Anderson A. R. A.: Exploiting ecological principles to better understand cancer progression and treatment., *Interface focus*, 2013, vol. 3(4) p. 20130020.
4. Borys D., Bonk M., Swierniak A.: 3D spatial dependencies study in the hawk and dove model, *Proceedings of the 13th International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies*, 1 2020, vol. p. 233–238.
5. Gavidia-Calderon C., Sarro F., Harman M., Barr E. T.: Game-theoretic analysis of development practices: Challenges and opportunities, *Journal of Systems and Software*, 2020, vol. 159 p. 110424.
6. Hajdowska K., Swierniak A., Borys D.: Modeling changes in genetic heterogeneity using games with resources, *Computer methods and programs in biomedicine*, 07 2025, vol. 270 p. 108916.
7. Hammerstein P. Leimar O.: W: Young H. P. Zamir S., editors *Handbook of Game Theory with Economic Applications* Elsevier, 2015, volume 4 p. 575–617.
8. Krześlak M. Swierniak A.: Multidimensional extended spatial evolutionary games, *Computers in Biology and Medicine*, 2016, vol. 69 p. 315–327.
9. Mahner M. Kary M.: What exactly are genomes, genotypes and phenotypes? and what about phenomes?, *Journal of theoretical biology*, 1997, vol. 186(1) p. 55–63.
10. Smith J. M. Price G. R.: The logic of animal conflict, *Nature*, 1973, vol. 246 p. 15–18.
11. Swierniak A., Borys D., Krzeslak M.: Games with resources and biological effects of radiowaves, W: 2018 IEEE Radio and Antenna Days of the Indian Ocean (RADIO), 2018, p. 1–2.

12. Świerniak A. Krzeslak M.: Application of evolutionary games to modeling carcinogenesis., *Mathematical biosciences and engineering : MBE*, 2013, vol. 10(3) p. 873–911.
13. Świerniak A., Krzeslak M., Student S., Rzeszowska-Wolny J.: Development of a population of cancer cells: Observation and modeling by a mixed spatial evolutionary games approach., *Journal of theoretical biology*, 2016, vol. 405 p. 94–103.
14. Tomlinson I. Game-theory models of interactions between tumour cells, *European Journal of Cancer*, vol. 33(9) p. 1495–1500.
15. Wölfl B., Te Rietmole H., Salvioli M., Kaznatcheev A., Thuijsman F., Brown J. S., Burgering B., Staňková K.: The contribution of evolutionary game theory to understanding and treating cancer, *Dynamic games and applications*, 2022, vol. 12(2) p. 313–342.