

## Zbieżność algorytmów genetycznych

W wystąpieniu przedstawione zostaną dowody zbieżności (probabilistycznej) prostego algorytmu genetycznego, modelowanego jako łańcuch Markowa, oraz postać tej zbieżności. Uzyskana postać rozkładu granicznego pozwala wnioskować o prawdopodobieństwach przejścia w stanie granicznym algorytmu.

Własności rozkładu granicznego pozwalają na sformułowanie następującego twierdzenia:

**Twierdzenie.** *Dla prawie każdego algorytmu genetycznego istnieje algorytm optymalny w sensie probabilistycznym. Oznacza to, że algorytm ten startując z dowolnego rozkładu początkowego już w pierwszym kroku generuje rozkład graniczny.*

Twierdzenie to jest komplementarne do twierdzenia No Free Lunch, które ustala, że nie istnieje uniwersalny algorytm optymalizacyjny, lepszy od innych, dla wszystkich zadań, a średnie zachowanie każdego algorytmu dla wszystkich zadań jest takie samo. No Free Lunch dotyczy całego universum algorytmów i zadań, natomiast powyższe twierdzenie dotyczy pojedynczego algorytmu i zadania. Twierdzenie pokazuje, że dla prawie każdego (pojedynczego) algorytmu ewolucyjnego i (pojedynczego) zadania optymalizacyjnego istnieje algorytm nie tylko lepszy ale i najlepszy w sensie probabilistycznym. I nie można go doprowadzić do zadania deterministycznego, gdyż wtedy powinno być spełnione twierdzenie o punktowej asymptotycznej stabilności.

Uzyskane wyniki pokazują, że można optymalizować algorytmy genetyczne dla konkretnych klas zadań oraz wyznaczają granice tej optymalizacji. Tą granicą jest nieosiągalna zbieżność punktowa. Wyniki te uzasadniają tezę, że entropia i wymiar fraktalny mogą być podstawą klasyfikacji algorytmów. Algorytm modelowany procesem Markowa jest równoważny przesunięciu Bernoulliego, a entropia jest wskaźnikiem klasyfikującym takie procesy. Inspiracją do podjęcia klasyfikacji jest No Free Lunch Theorem,

Klasyfikację prowadzę na podstawie entropii trajektorii algorytmu lub wymiaru fraktalnego trajektorii, który jest równy entropii przesunięcia Bernoulliego (Eggleston 1949). Hipoteza, że można klasyfikować algorytmy genetyczne na podstawie entropii trajektorii, opiera się na twierdzeniu Ornsteina. Stwierdza ono, że entropia jest niezmiennikiem izomorfizmu dla przesunięć Bernoulliego. Oczywiście taka klasyfikacja może być tylko przybliżona, gdyż trajektoria algorytmu genetycznego jest zbiorem skończonym.