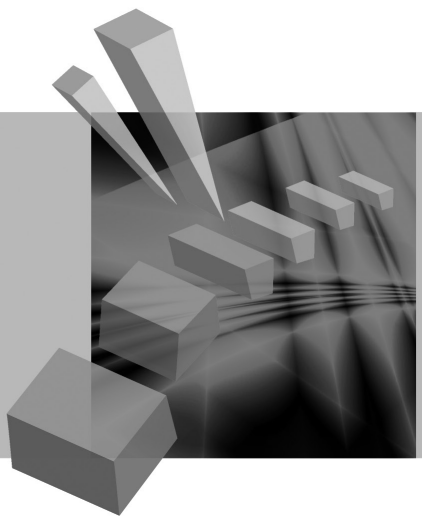
PRACE NAUKOWE
Uniwersytetu Ekonomicznego we Wrocławiu
RESEARCH PAPERS
of Wrocław University of Economics

279

Taksonomia 21

Klasyfikacja i analiza danych – teoria i zastosowania



Redaktorzy naukowi
Krzysztof Jajuga
Marek Walesiak

Wydawnictwo Uniwersytetu Ekonomicznego we Wrocławiu
Wrocław 2013

Redaktor Wydawnictwa: Aleksandra Śliwka
Redaktor techniczny: Barbara Łopusiewicz
Korektor: Barbara Cibis
Łamanie: Małgorzata Czupryńska
Projekt okładki: Beata Dębska

Publikacja jest dostępna w Internecie na stronach:
www.ibuk.pl, www.ebscohost.com,
The Central and Eastern European Online Library www.ceeol.com,
a także w adnotowanej bibliografii zagadnień ekonomicznych BazEkon
http://kangur.uek.krakow.pl/bazy_ae/bazekon/nowy/index.php

Informacje o naborze artykułów i zasadach recenzowania znajdują się
na stronie internetowej Wydawnictwa
www.wydawnictwo.ue.wroc.pl

Tytuł dofinansowany ze środków Narodowego Banku Polskiego
oraz ze środków Sekcji Klasyfikacji i Analizy danych PTS

ISSN 1899-3192 (Prace Naukowe Uniwersytetu Ekonomicznego we Wrocławiu)
ISSN 1505-9332 (Taksonomia)

Wersja pierwotna: publikacja drukowana
Druk: Drukarnia TOTEM

Spis treści

Summaries

PRACE NAUKOWE UNIWERSYTETU EKONOMICZNEGO WE WROCŁAWIU
RESEARCH PAPERS OF WROCŁAW UNIVERSITY OF ECONOMICS nr 279 • 2013

Taksonomia 21. Klasyfikacja i analiza danych – teoria i zastosowania ISSN 1899-3192

Anna Gryko-Nikitin
Politechnika Białostocka

DOBÓR PARAMETRÓW W RÓWNOLEGŁYCH ALGORYTMACH GENETYCZNYCH DLA PROBLEMU PLECAKOWEGO

Streszczenie: Celem artykułu jest prezentacja metodyki doboru parametrów równoległego algorytmu ewolucyjnego. Dobór parametrów zaprezentowany zostanie na przykładzie problemu plecakowego, którym może być przybliżony np. problem doboru akcji do koszyka inwestycyjnego. Dyskretny problem plecakowy należy do zadań optymalizacyjnych *NP*-trudnych o złożoności obliczeniowej określanej jako $O(n^2)$. Do zbioru metod rekomendowanych do rozwiązywania dyskretnego problemu plecakowego należą między innymi: algorytmy zachłanne, programowanie dynamiczne oraz wspomniane algorytmy ewolucyjne w wersji równoległej.

Słowa kluczowe: problem plecakowy, równoległe algorytmy ewolucyjne, parametry w algorytmach ewolucyjnych.

1. Wstęp

Dyskretny problem plecakowy należy do zadań optymalizacyjnych *NP*-trudnych. Zadanie w problemie plecakowym polega na wyborze z *N*-elementowego zbioru jak największej liczby przedmiotów, o jak największej wartości, przy czym wybrane przedmioty muszą się zmieścić do plecaka o zadanym rozmiarze. Problem plecakowy znajduje zastosowanie w wielu praktycznych zagadnieniach m.in.: z zakresu informatyki i zarządzania [Spillman 1995; Taheri i in. 2012]. Do zbioru metod rekomendowanych do rozwiązywania dyskretnego problemu plecakowego należą między innymi: algorytmy zachłanne, programowanie dynamiczne oraz algorytmy genetyczne [Kumar, Banerjee 2006; Taheri i in. 2012].

W kontekście algorytmów genetycznych ważnym zagadnieniem jest dobór parametrów kontrolnych [Grefenstette 1986]. Proces poszukiwań najlepszego rozwiązania w algorytmach genetycznych jest kontrolowany przez parametry tego algorytmu. Zastosowany zestaw parametrów algorytmu genetyczego wpływa na jakość otrzymanego wyniku oraz na czas potrzebny na jego otrzymanie [Fernandez-Prieto i in. 2011].

W pracy przedstawiono strategię postępowania w doborze wybranych parametrów równoległego algorytmu genetycznego. Metoda doboru parametrów kontrolnych równoległych algorytmów genetycznych została zainspirowana pracami [Fernandez-Prieto i in. 2011; Sakurai i in. 2010]. Dobór parametrów przeprowadzony został na przykładzie problemu plecakowego, którym może być przybliżony np. problem wyboru akcji do koszyka inwestycyjnego.

Cel aplikacyjny artykułu został zdefiniowany jako opracowanie równoległego algorytmu genetycznego dla problemu doboru akcji do portfela inwestycyjnego.

2. Algorytmy genetyczne

Zasada działania klasycznych algorytmów genetycznych została zaczerpnięta z natury i opiera się na podstawowej zasadzie darwinowskiej ewolucji połączonej z dziedziczeniem, w myśl której proces dochodzenia do rozwiązania odbywa się na drodze ewolucji grupy początkowych, mało wartościowych, propozycji rozwiązań. Jakość reprezentowanego rozwiązania opisana jest wartością liczbową, zwaną przystosowaniem osobnika. Wyselekcjonowane osobniki podlegają w poszczególnych pokoleniach przemianom (krzyżowaniu, mutacji), doprowadzając ostatecznie do otrzymania najlepszego osobnika (optymalnego rozwiązania). Algorytm działa w środowisku, które opisuje się przy użyciu funkcji przystosowania [Arabas 2001].

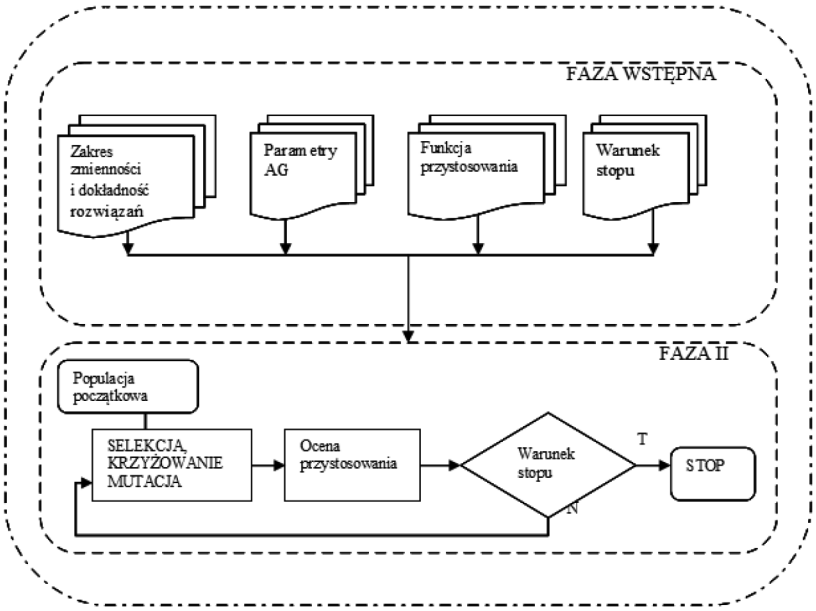
Zadaniem algorytmu genetycznego jest ciągła poprawa średniej wartości funkcji dopasowania całej populacji w iteracjach zmierzających do koncentracji kolejnych pokoleń osobników wokół pewnego, zbliżonego do optymalnego, rozwiązania.

Pracę z algorytmami genetycznymi można podzielić na dwie fazy (rys. 1). Fazę I rozpoczyna się od dokładnego sprecyzowania problemu (przyjęcie określonej reprezentacji problemu), po czym określa się parametry populacji i parametry algorytmu genetycznego. W następnej kolejności określa się funkcję przystosowania i warunek stopu. Na fazę II składają się wyznaczanie wartości funkcji dopasowania oraz operacje genetyczne, tj. selekcja, krzyżowanie i mutacja. Działanie algorytmu powtarza się aż do osiągnięcia założonego kryterium stopu.

Proces poszukiwań najlepszego rozwiązania w algorytmach genetycznych kontrolowany jest przez parametry tego algorytmu [Grefenstette 1986]. Parametry algorytmów genetycznych, tj.: rozmiar populacji, prawdopodobieństwo krzyżowania, prawdopodobieństwo mutacji, wpływają na jakość otrzymanego wyniku oraz na czas potrzebny na jego otrzymanie [Fernandez-Prieto i in. 2011].

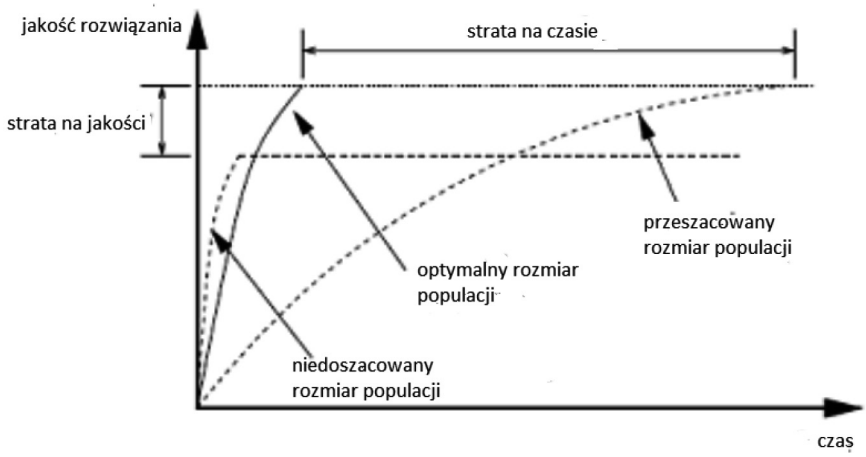
Rysunek 2 przedstawia wpływ rozmiaru populacji na jakość rozwiązania. Podczas określania tego parametru należy rozważyć dwie kwestie. Mianowicie niedoszacowana populacja startowa może skutkować poważnymi stratami w jakości rozwiązania. Sytuacja odwrotna powoduje znaczne wydłużenie czasu potrzebnego na znalezienie rozwiązania optymalnego.

Na zbieżność algorytmu genetycznego wpływ mają zastosowane operatory genetyczne. Napór genetyczny warunkowany jest metodą selekcji osobników do puli



Rys. 1. Schemat działania w algorytmach genetycznych

Źródło: opracowanie własne na podstawie [Chodak, Kwaśnicki 2002].



Rys. 2. Wpływ rozmiaru populacji na jakość rozwiązania i czas potrzebny na jego otrzymanie

Źródło: opracowanie na podstawie [Lobo, Goldberg 2004].

rodzicielskiej. Powszechną zasadą przy ustalaniu wartości prawdopodobieństwa krzyżowania i mutacji jest zasada zaczerpnięta z natury. W naturze mutacja zacho-

dzi stosunkowo rzadko, zaś krzyżowanie osobników jest podstawą do zachowania gatunku. Poprzez operację krzyżowania następuje też wymiana materiału genetycznego, co skutkuje utworzeniem wielu osobników o wyższym przystosowaniu do środowiska, niż wykazywały osobniki rodzicielskie. Ostatnie eksperymenty dopuszczają przyjęcie 16 różnych wartości parametru pc, (od 0,25 do 1,00 w krokach co 0,05) [Grefenstette 1986]. Mutacja, umożliwiająca przywrócenie utraconego materiału genetycznego, traktowana jest jako operacja drugorzędna [Aguirre i in. 1999]. Najczęściej stosowane wartości prawdopodobieństwa mutacji zawierają się w przedziale <0,001;0,01> [Grefenstette 1986].

W zakresie doboru parametrów kontrolnych algorytmów genetycznych prowadzono wiele badań [Goldberg 1995; Sakurai i in. 2010; Grefenstette 1986]. W pracy [Michalewicz 1999] testowano zestawy różnych kombinacji parametrów. Deb i Agrawal [1999] badali m.in. interakcje pomiędzy parametrami. Powstało też wiele koncepcji na ten temat. Autorzy byli jednak zgodni co do tego, że dobór parametrów jest zadaniem trudnym, wymagającym przeprowadzenia wielu testów. Do chwili obecnej zaproponowano dwa podstawowe podejścia w kwestii wyznaczania wartości parametrów. Według jednego nurtu, parametry kontrolne są ustalane na początku eksperymentów (np. testuje się różne zestawy parametrów i wybiera najlepszy z nich) [Chan i in. 2002]. Drugi sposób polega na dostrajaniu parametrów kontrolnych w trakcie działania algorytmu [Sakurai i in. 2010; Fernandez-Prieto i in. 2011]. W pracy wykorzystano podejście z dostrajaniem.

3. Równoległy algorytm genetyczny dla problemu plecakowego

Opracowanie równoległego algorytmu genetycznego dla problemu plecakowego zostanie zaprezentowane na przykładzie wyboru akcji do koszyka inwestycyjnego (portfela inwestycyjnego).

Zadanie w problemie plecakowym polega na wyborze z N-elementowego zbioru $\{x_1, x_2, \ldots x_N\}$ jak największej liczby przedmiotów o jak największej wartości, przy czym wybrane przedmioty muszą się zmieścić do plecaka o zadanym rozmiarze B. Funkcja wartości plecaka:

$$f(x) = \sum_{j=0}^{N} c_j x_j,$$

$$j = 1,2,\ldots,N \quad x_j \in (0,1)$$

przy ograniczeniu

$$\sum\nolimits_{j=0}^{N} w_j x_j \leq B,$$

gdzie: c_j – wartość j-tego elementu,
w_j – wielkość j-tego elementu,
B – rozmiar plecaka.

W kontekście analizy portfelowej [Tarczyński 1997] problem może być opisany jako maksymalizacja oczekiwanej stopy zwrotu portfela przy określonej wariancji.

Wartość j-tego elementu (c_j) należy więc rozumieć jako oczekiwaną stopę zwrotu z akcji wyrażoną wzorem:

$$R = \frac{\sum_{t=1}^{N} R_t}{N},$$

gdzie: R – ocena oczekiwanej stopy zwrotu z papieru wartościowego,
N – liczba wszystkich analizowanych stóp zwrotu,
R_t – empiryczna stopa zwrotu wyrażona wzorem:

$$R_t = \frac{P_t - P_{t-1} + D_t}{P_{t-1}},$$

gdzie: P_t – cena papieru wartościowego w okresie t,
P_{t-1} – cena papieru wartościowego w okresie t–1,
D_t – dywidenda wypłacona w t-tym okresie.

Przez ciężar j-tego przedmiotu (w_j) należy rozumieć ryzyko inwestycyjne mierzone odchyleniem standardowym stopy zwrotu papieru wartościowego. Odchylenie standardowe wyznacza się z następującego wzoru:

$$S = \sqrt{\frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(R_i - R)^2}.$$

Adaptując algorytm genetyczny na potrzeby rozwiązania konkretnego problemu, należy rozpocząć od wyboru reprezentacji poszczególnych osobników. Na podstawie przeglądu literatury [Arabas 2001; Zhao i in. 2008; Spillman 1995] dla problemu plecakowego przyjęto binarną reprezentację chromosomów.

Kodowanie binarne polega na przypisaniu poszczególnym genom wartości „0" lub „1". Osobnikami są wówczas wektory binarne długości N. Osobnikiem w badanym zagadnieniu będzie pojedynczy plecak (koszt inwestycyjny) składający się z N genów (papierów wartościowych). Przyjmując, że plecak składa się z N przedmiotów, k-tą populację chromosomów można opisać następująco:

$$P_k = \{X_{k1}, X_{k2}, X_{k3}, ..., X_{ki}, ..., X_{kM}\} \qquad i = 1,2, ..., M, \qquad k = 1,2, ..., q,$$

gdzie: X_{ki} – i-ty chromosom reprezentujący potencjalne rozwiązanie w k-tej populacji;
M – liczba chromosomów w populacji;
k – liczba generacji.

Zakładając liczbę przedmiotów równą 20, pojedynczy chromosom można opisać następująco: X_k = [0 1 0 0 0 1 1 0 0 0 0 1 11110011], co należy interpretować następująco: akcje oznaczone numerami 1, 3, 4, 5, 8, 9,10,11,17 i 18 nie weszły do koszyka inwestycyjnego (plecaka).

Działanie algorytmów genetycznych rozpoczyna się od utworzenia populacji początkowej P^0. Zazwyczaj generuje się ją losowo [Goldberg 1995]. W przypadku, gdy istnieją uzasadnione przesłanki, populacja startowa może być tworzona przy zachowaniu wybranego kryterium [Michalewicz 1999]. Bazując na teorii portfela efektywnego Markowitza, zdecydowano, że populację startową będą tworzyć portfele składające się z aktywów nieskorelowanych [Feder-Sempach 2011]. Podejście to pozwoli zmniejszyć ryzyko inwestycji.

Miarą zależności między badanymi akcjami jest współczynnik korelacji wyrażony wzorem [Tarczyński 1997]:

$$\rho_{12} = \frac{\sum_{i=1}^{n}(R_{1i} - R_1)(R_{2i} - R_2)}{(n-1)S_1S_2},$$

gdzie: ρ_{12} – unormowana miara korelacji (współczynnik korelacji dwóch papierów wartościowych),
R_{1i} – możliwe stopu zwrotu pierwszej akcji,
R_1 – oczekiwana stopa zwrotu pierwszej akcji,
R_{2i} – możliwe stopu zwrotu drugiej akcji,
R_2 – oczekiwana stopa zwrotu drugiej akcji,
S_1 – odchylenie standardowe pierwszej akcji,
S_2 – odchylenie standardowe drugiej akcji,
n – liczba wszystkich badanych stóp zwrotu.

Celem opracowania efektywnego algorytmu rozwiązującego problem plecakowy dla koszyka inwestycyjnego wyróżniono fazy, w których obliczenia zajmują najwięcej czasu i mocy obliczeniowej. Jest to m.in. faza, podczas której następuje tworzenie populacji startowej.

W zagadnieniu zrównoleglenia wykorzystano schemat komunikacji *master-slaves*. W podejściu tym wyróżnia się jeden procesor jako główny (*master*), a reszta procesorów, tzw. podwładnych (*slaves*) – odpowiada za wykonanie obliczeń. Procesor główny jako nadzorca ma całą wiedzę o stanie algorytmu i kontroluje kolejność wykonywania obliczeń przez poszczególne procesory. Procesor główny rozsyła do

gdzie: c_j – wartość j-tego elementu,
w_j – wielkość j-tego elementu,
B – rozmiar plecaka.

W kontekście analizy portfelowej [Tarczyński 1997] problem może być opisany jako maksymalizacja oczekiwanej stopy zwrotu portfela przy określonej wariancji.

Wartość j-tego elementu (c_j) należy więc rozumieć jako oczekiwaną stopę zwrotu z akcji wyrażoną wzorem:

$$R = \frac{\sum_{t=1}^{N} R_t}{N},$$

gdzie: R – ocena oczekiwanej stopy zwrotu z papieru wartościowego,
N – liczba wszystkich analizowanych stóp zwrotu,
R_t – empiryczna stopa zwrotu wyrażona wzorem:

$$R_t = \frac{P_t - P_{t-1} + D_t}{P_{t-1}},$$

gdzie: P_t – cena papieru wartościowego w okresie t,
P_{t-1} – cena papieru wartościowego w okresie t–1,
D_t – dywidenda wypłacona w t-tym okresie.

Przez ciężar j-tego przedmiotu (w_j) należy rozumieć ryzyko inwestycyjne mierzone odchyleniem standardowym stopy zwrotu papieru wartościowego. Odchylenie standardowe wyznacza się z następującego wzoru:

$$S = \sqrt{\frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(R_i - R)^2}.$$

Adaptując algorytm genetyczny na potrzeby rozwiązania konkretnego problemu, należy rozpocząć od wyboru reprezentacji poszczególnych osobników. Na podstawie przeglądu literatury [Arabas 2001; Zhao i in. 2008; Spillman 1995] dla problemu plecakowego przyjęto binarną reprezentację chromosomów.

Kodowanie binarne polega na przypisaniu poszczególnym genom wartości „0" lub „1". Osobnikami są wówczas wektory binarne długości N. Osobnikiem w badanym zagadnieniu będzie pojedynczy plecak (koszt inwestycyjny) składający się z N genów (papierów wartościowych). Przyjmując, że plecak składa się z N przedmiotów, k-tą populację chromosomów można opisać następująco:

$$P_k = \{X_{k1}, X_{k2}, X_{k3}, ..., X_{ki}, ..., X_{kM}\} \qquad i = 1,2, ..., M, \qquad k = 1,2, ..., q,$$

Procesory podwładne obliczają dodatkowo podstawowe statystyki populacji. Wyznaczone statystyki, które nie mieszczą się w dopuszczalnym zakresie, są przekazywane procesorowi głównemu. Na podstawie informacji o bieżącej generacji procesor główny podejmuje decyzję o dostrojeniu poszczególnych parametrów. Dostrojenie polega m.in. na zmianie prawdopodobieństwa mutacji i prawdopodobieństwa krzyżowania.

Tabela 3. Algorytm dla węzła podrzędnego

FAZA I. Konstrukcja populacji startowej
KROK 1. Odebranie danych z procesora głównego
KROK 2. Wyznaczenie poprawnych chromosomów
KROK 3. Wyznaczenie funkcji dopasowania
KROK 4. Wyznaczenie statystyk bieżącej populacji
Wyzeruj zmienne licz_chrom,*i, j, liczba_el*
Dopóki nie ustalono wymaganej liczby chromosomów (licz_chrom) w podpopulacji startowej, powtarzaj
zwiększ zmienną *licz_chrom* o jeden
Dopóki nie ustalono wymaganej liczby genów (*liczba_el*) w chromosomie, powtarzaj
wylosuj 0 lub 1
zwiększ zmienną *liczba_el* o jeden
wstaw wylosowaną pozycję do *i*-tego chromosomu na pozycję *j*-tą
zwiększ zmienną *j* o jeden
Sprawdź, czy chromosom jest prawidłowy
dopóki chromosom nie jest prawidłowy, wywołuj procedurę naprawy
Wyznacz wartość funkcji dopasowania chromosomu
Wyznacz statystyki populacji
Jeśli wartości statystyk wykraczają poza dopuszczalny zakres, prześlij informację do procesora głównego
Wyjście: *licz_chrom*- elementowa populacja chromosomów z obliczoną wartością funkcji dopasowania oraz statystyka populacji

Źródło: opracowanie własne.

Druga faza omawianego algorytmu to faza ewolucji populacji chromosomów. Operacja ta wykonywana jest przez procesory podwładne według schematu zawartego w tab. 4.

Tabela 4. Algorytm dla węzła podrzędnego

FAZA II Ewolucja populacji
Dopóki nie osiągnięto warunku stopu, powtarzaj KROK I – KROK VI
KROK I Wyznaczenie funkcji dopasowania
KROK II Selekcja osobników {Wybór rodziców}
KROK III Krzyżowanie
KROK IV Mutacja
KROK V Podmiana osobników w populacji
KROK VI Wyznaczenie statystyk bieżącej populacji
Jeśli statystyki nie mieszczą się w dopuszczalnych granicach wyślij informację do procesora głównego
KROK VII Wysłanie populacji do procesora głównego

Źródło: opracowanie własne na podstawie [Sakurai i in. 2010; Fernandez-Prieto i in. 2011].

4. Uwagi końcowe

W artykule przedstawiono strategie postępowania w doborze wybranych parametrów równoległego algorytmu genetycznego, uwzględniając jednocześnie ich znaczenie dla badanego zjawiska. Metoda została zaprezentowana na przykładzie wyboru akcji do koszyka inwestycyjnego (problem plecakowy). Propozycja obliczeń równoległych oparta została na jednym z czterech modeli równoległych algorytmów genetycznych, tj.: modelu synchronicznym scentralizowanym.

Literatura

Aguirre H., Tanaka K., Sugimura T., *Cooperative model for genetic operators to improve GAs*, Proc. IEEE ICIIS 1999, pp. 98-109.

Arabas J., *Wykłady z algorytmów ewolucyjnych*, Wyd. Naukowo-Techniczne, Warszawa 2001.

Chan M.C., Wong C.C., Cheung B.K., Tang G.Y., *Genetic algorithms in multi-stage portfolio optimization system. In proceedings of the eighth international conference of the Society for Computational Economics*, Computing in Economics and Finance, Aix-en-Provence, France 2002.

Chodak G., Kwaśnicki W., *Zastosowanie algorytmów genetycznych w prognozowaniu popytu*, „Gospodarka Materialowa & Logistyka" 2002, nr 4.

Deb K., Agrawal S., *Understanding interactions among genetic algorithm parameters*, "Foundations of Genetic Algorithms" 1999, pp. 265-286.

Eklund S.E., *A massively parallel architecture fir distributed genetic algorithms*, "Parallel Computing" 2004, vol. 30.

Feder-Sempach E., *Ryzyko inwestycyjne. Analiza polskiego rynku akcji*, CeDeWu, Warszawa 2011.
Fernandez-Prieto J.A., Canada-Bago J., Gadeo-Martos M.A., Velasco J.R., *Optimisation of control parameters for genetic algorithms to test computer networks under realistic traffic loads*, "Applied Soft Computing" 2011, 11(4), pp. 3744-3752.
Goldberg D.E., *Algorytmy genetyczne i ich zastosowanie*, Wydawnictwo-Naukowo Techniczne, Warszawa 1995.
Grefenstette J.J., *Optimization of control parameters for genetic algorithms*, Ieee Transactions on Systems, Man, and Cybernetics 1986, vol. SMC-16, no. 1.
Kumar R., Banerjee N., *Analysis of a multiobjective evolutionary algorithm on the 0–1 knapsack problem*, "Theoretical Computer Science" 2006, 358 , pp. 104-120.
Lobo F.G., Goldberg D.E., *The parameter-less genetic algorithm in practice*, "Information Sciences" 2004, vol. 167.
Michalewicz Z., *Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*, Wyd. Naukowo-Techniczne, Warszawa 1999.
Sakurai Y., Takada K., Kawabe T., Tsuruta S., *A metod to Control Parameters of Evolutionary Algorithms by using Reinforcement Learning*, 2010 Sixth International Conference on Signal-Image Technology and Internet Based Systems, 2010 IEEE.
Spillman R., *Solving Large Knapsack Problems with a Genetic Algorithm, Systems, Man and Cybernetics, 1995. Intelligent Systems for the 21st Century*, IEEE International Conference on, 1995, vol. 1, pp. 632-637.
Taheri J., Sharif S., Xing P., Zomaya A.Y., *Paralleled Genetic Algorithm for Solving the Knapsack Problem in the Cloud, P2P, Parallel, Grid, Cloud and Internet Computing (3PGCIC),* 2012 Seventh International Conference on, 2012 , pp. 303-308.
Tarczyński W., *Rynki kapitałowe. Metody ilościowe. Vol II*, Agencja Wydawnicza „Placet", Warszawa 1997.
Zhao T., Yang L., Man Z., *A MSM-PGA based on multi-agent for solving 0-1 knapsack problem*, [in:] Computer Science and Information Technology, 2008. ICCSIT'08. International Conference on. IEEE, 2008, pp. 898-902.

SELECTION OF VARIOUS PARAMETERS OF PARALLEL EVOLUTIONARY ALGORITHM FOR KNAPSACK PROBLEMS

Summary: The aim of the paper is the presentation of the methodology for selection of various parameters of parallel evolutionary algorithm. The selection process will be presented on the example of knapsack problem, which can be used for example for the problem of selection of investment shares to the cart. Discreet knapsack problem is one of the optimization tasks of NP-hard with computational complexity known as $O(n^2)$. The methods which are recommended for solving discrete knapsack problem are: greedy algorithms, dynamic programming, and mentioned above evolutionary algorithms in the parallel version.

Keywords: parallel evolutionary algorithms, evolutionary algorithms, parameters, knapsack problems.