

114學年度大學部專題海報展



國立清華大學

資訊工程學系

National Tsing Hua University Department of Computer Science

用ma-QAOA搭配Adam 解BBV網絡的Max-Cut問題之方法改良

摘要

本專題研究提出改善ma-QAOA配Adam解BBV (Barrat - Barthelemy - Vespignani) 網絡的Max-Cut問題時遇到的特定問題。因為BBV 網絡的特性，其節點之加權度數（即其與相臨之邊的權重總和）具有兩極分布的特性。依據實驗發現，ma-QAOA 之bata參數的梯度訊號（以gradient variance表示）和其控制的節點之度數高度相關，可見該電路參數之梯度訊號也呈兩極分布。根據文獻顯示，參數之梯度訊號分布不均可能造成數值優化器收斂困難。針對該現象，我提出了兩種改良手法：**參數分組**與**Adam動量重置**，以避免梯度訊號不平衡造成的訓練困難。本研究提供證據顯示，用ma-QAOA搭配Adam解BBV 網絡的Max-Cut問題時，因該電路參數梯度訊號的兩極分布，階段參數分組與Adam動量重置可提升表現與效率。

問題背景

Max-Cut 是 QAOA 與 ma-QAOA 最常用的基準問題，其目標是在圖上找出能最大化跨集合邊權重的切割。此問題屬 NP-hard，並在社群網絡、VLSI 與金融等領域皆有實際應用，因此常用來評估量子最佳化演算法的效能。在可變分子量子電路訓練中，經典優化器至關重要，其中 Adam 因具備動量與自適應學習率，被廣泛用於 QAOA 的參數調整。然而，當 Max-Cut 定義在 Barrat - Barthelemy - Vespignani (BBV) 網絡上時，問題變得更加複雜。BBV 網絡因偏好連接與權重強化機制，使節點的加權度數呈高度不均，其中少數核心節點累積大量權重，多數節點則保持很小的權重。這樣的兩極化結構會在 ma-QAOA 中引發梯度不平衡 (gradient imbalance)：不同節點對應的參數梯度量級差異極大，導致 Adam 無法同時有效更新所有參數。其結果可能是訓練變慢、收斂不穩，甚至降低最終 Max-Cut 解的品質。如何設計能適應 BBV 結構的優化策略，因此成為提升 ma-QAOA 表現的核心挑戰。

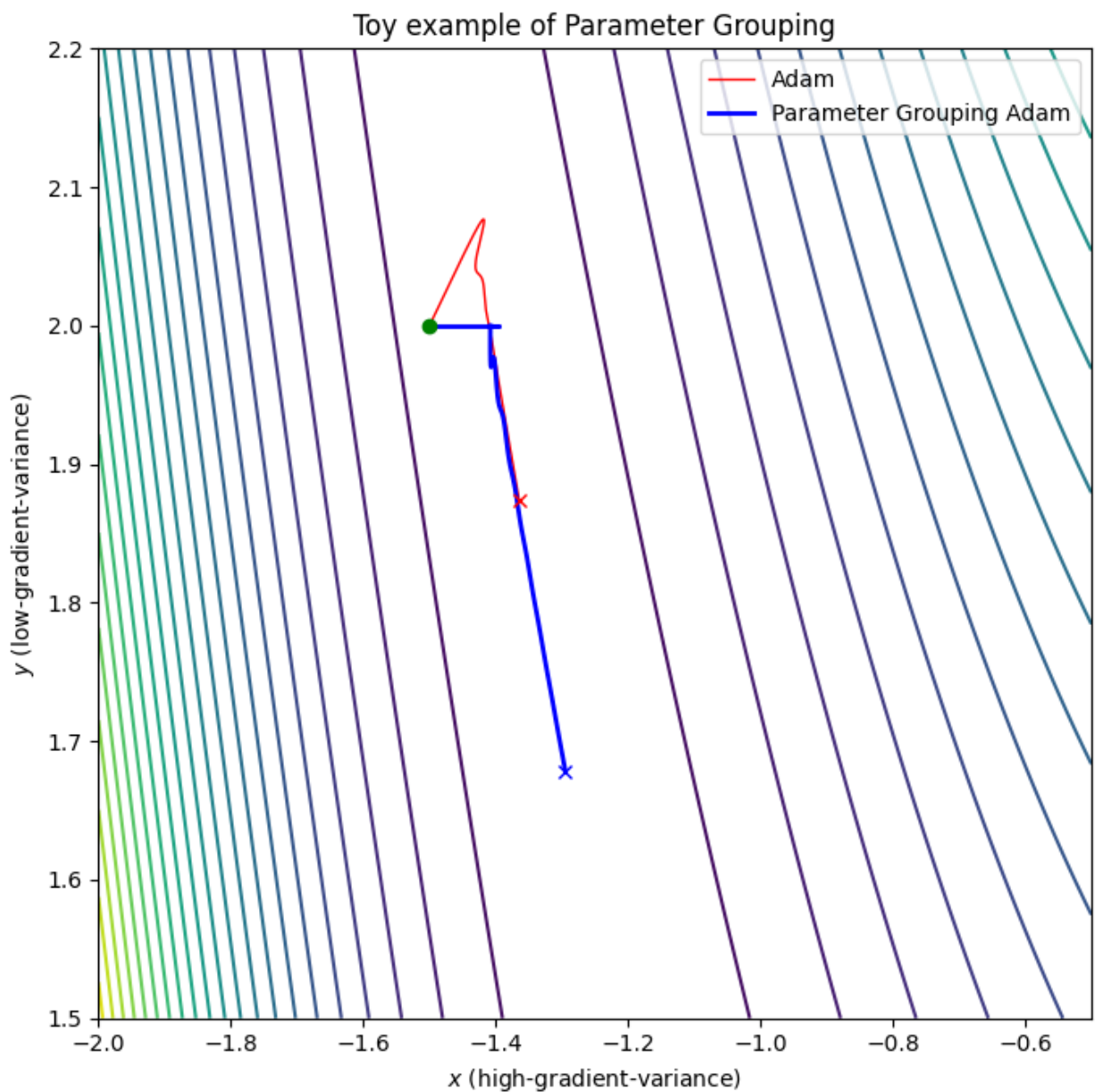
解決方法

階段參數分組

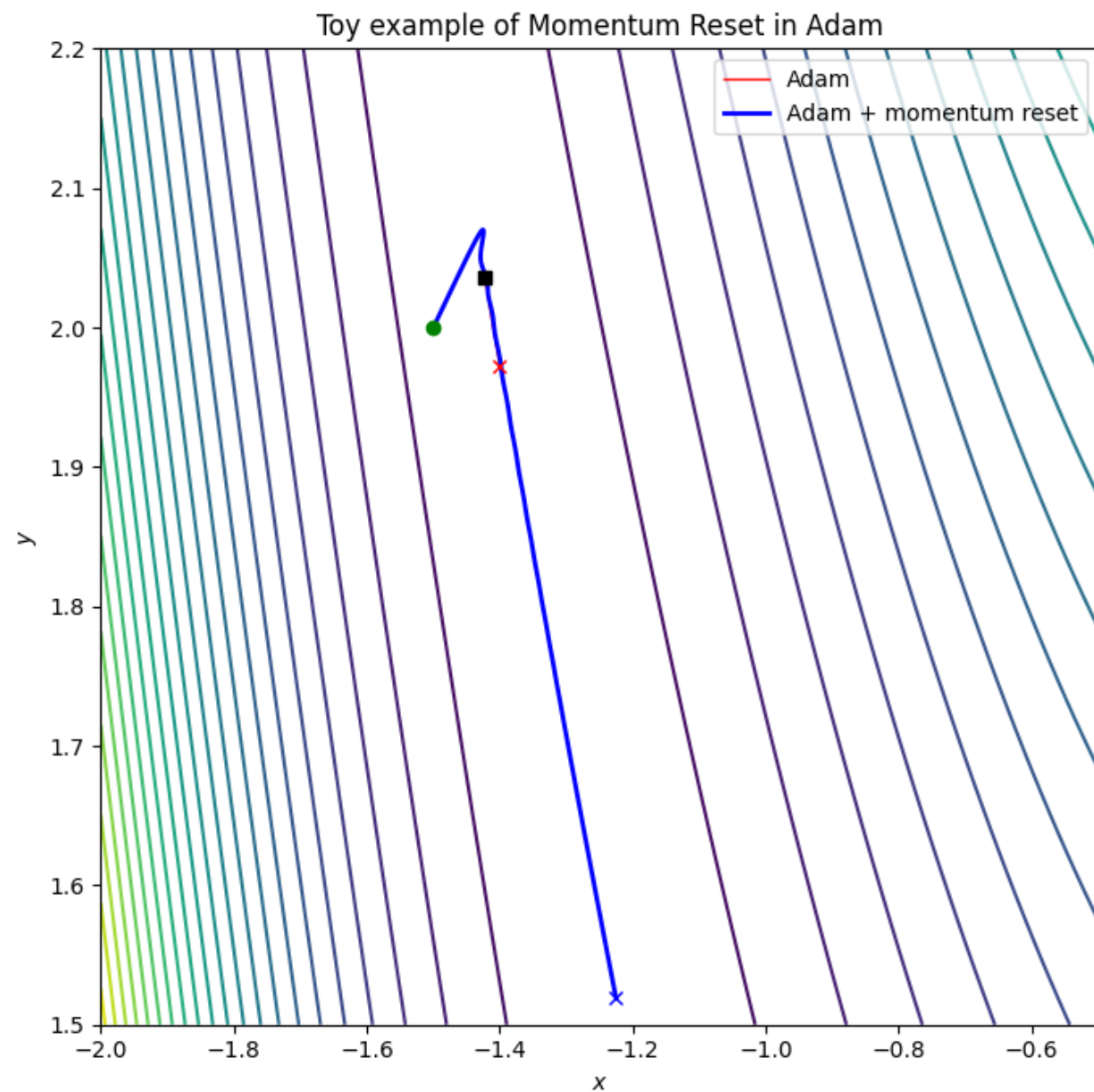
將節點依加權度數高到低排序，並分成三組。訓練分為三個階段，第一階段只訓練和第一組節點有關的參數（該點的 β 和該點臨邊的 γ ）；第一階段訓練和前二組有關的參數；第三階段訓練所有參數。此舉是為了讓優化器先處理梯度訊號較大的參數，避免因考慮梯度訊號較小的參數而拖垮表現，以提升效果。值得注意的是，因為早期的參數凍結，可能導致收斂速度變慢，因此我提出依照參數控制之節點的加權度數加大非最終階段的學習率。

階段重置Adam動量

在每個階段開始時，清除過去的Adam動量資訊。此舉是為了避免在非梯度谷地區域的梯度資訊影響梯度谷地地區的收斂，提升效果與收斂速度。



階段參數分組示意圖



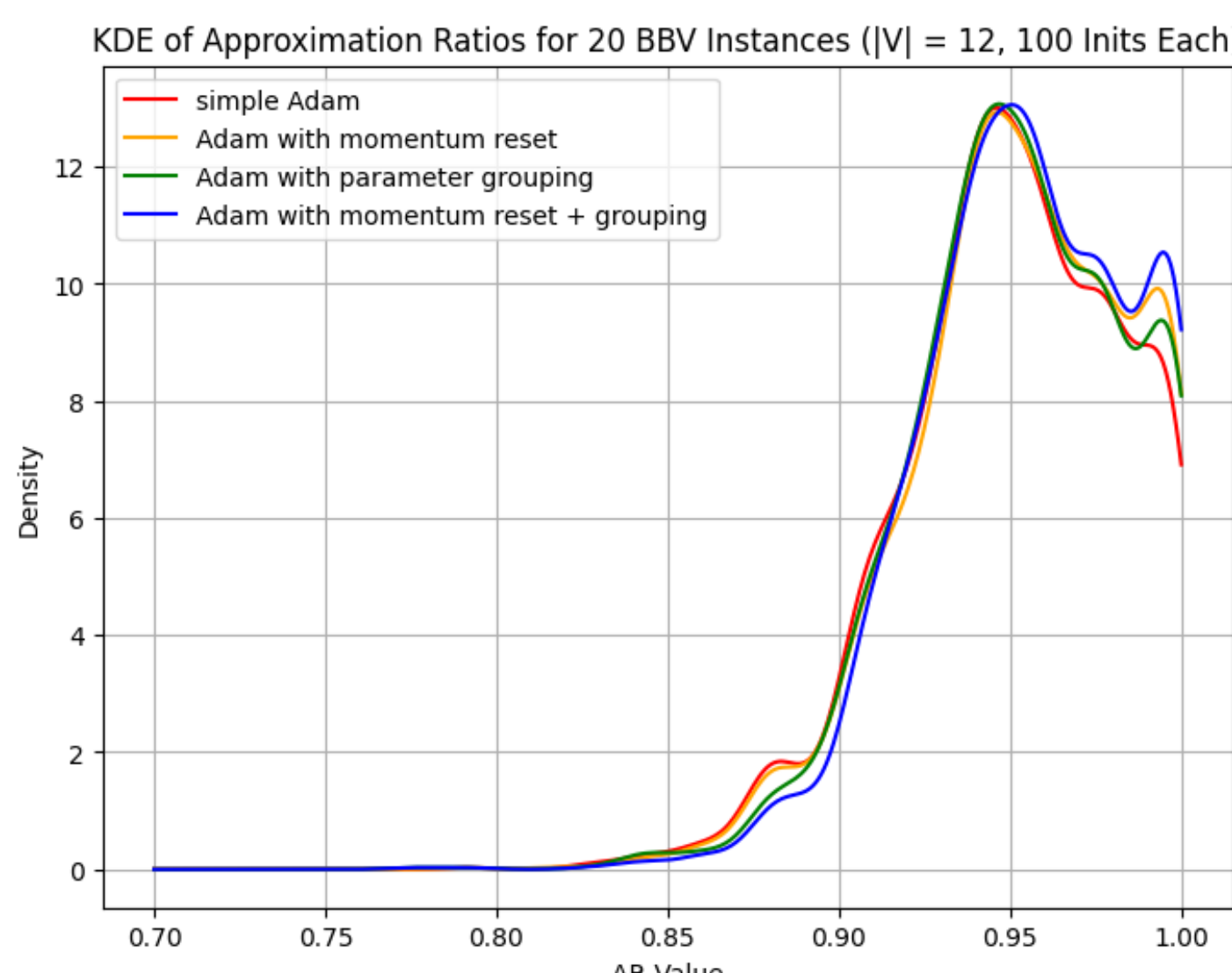
階段重置Adam動量示意圖

$|V| = 12$ 、 $|V| = 15$ 及 $|V| = 18$ 時，20個隨機BBV 網絡實例，每個實例取100次隨機初始參數的收斂步數之平均值
(四捨五入至小數點後第6位)

	單純Adam	Adam+動量重置	Adam+參數分組	Adam+動量重置+參數分組
$ V = 12$	0.948438	0.950095	0.949901	0.952151
$ V = 15$	0.933290	0.934548	0.935386	0.937142
$ V = 18$	0.927683	0.928486	0.928667	0.929691

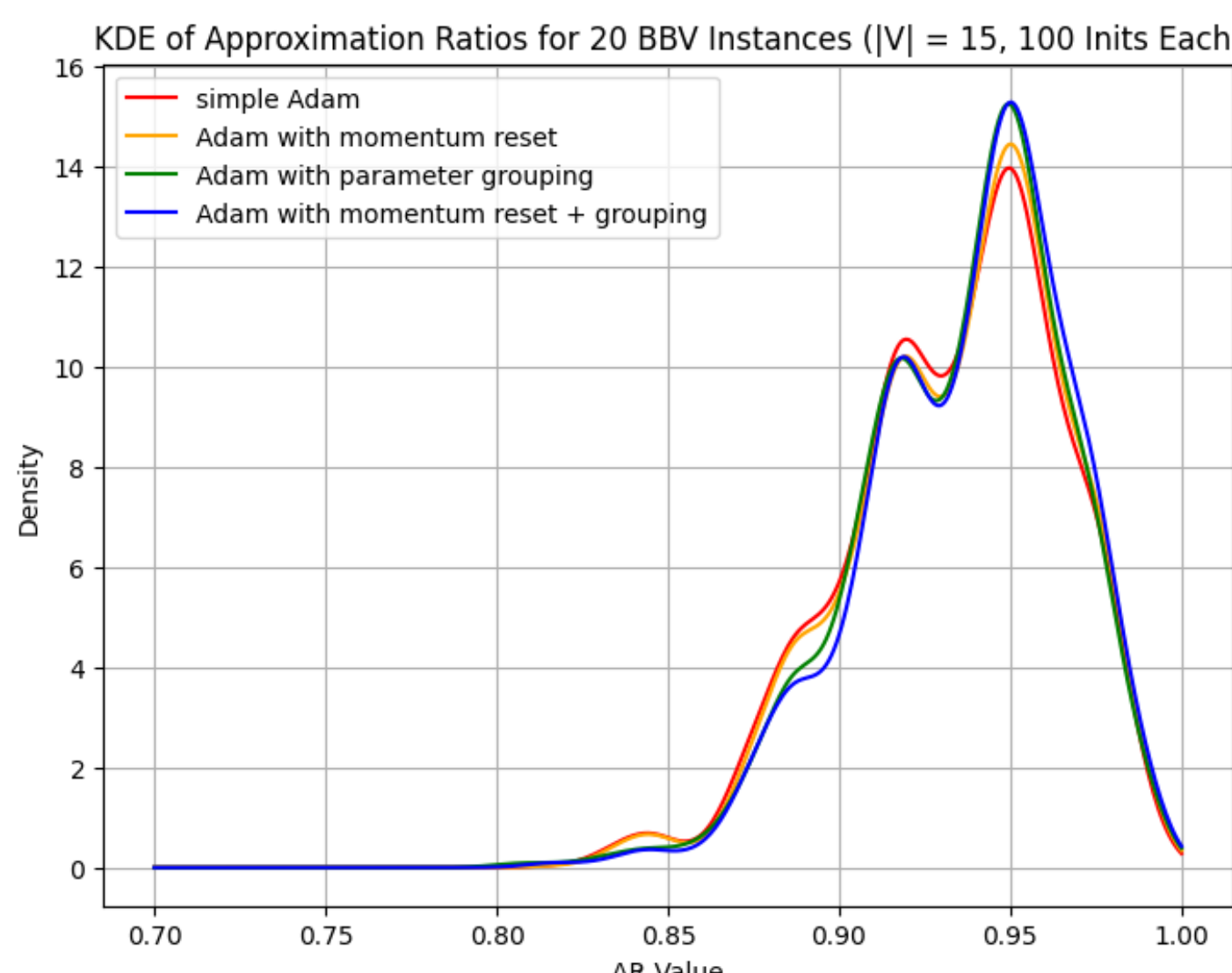
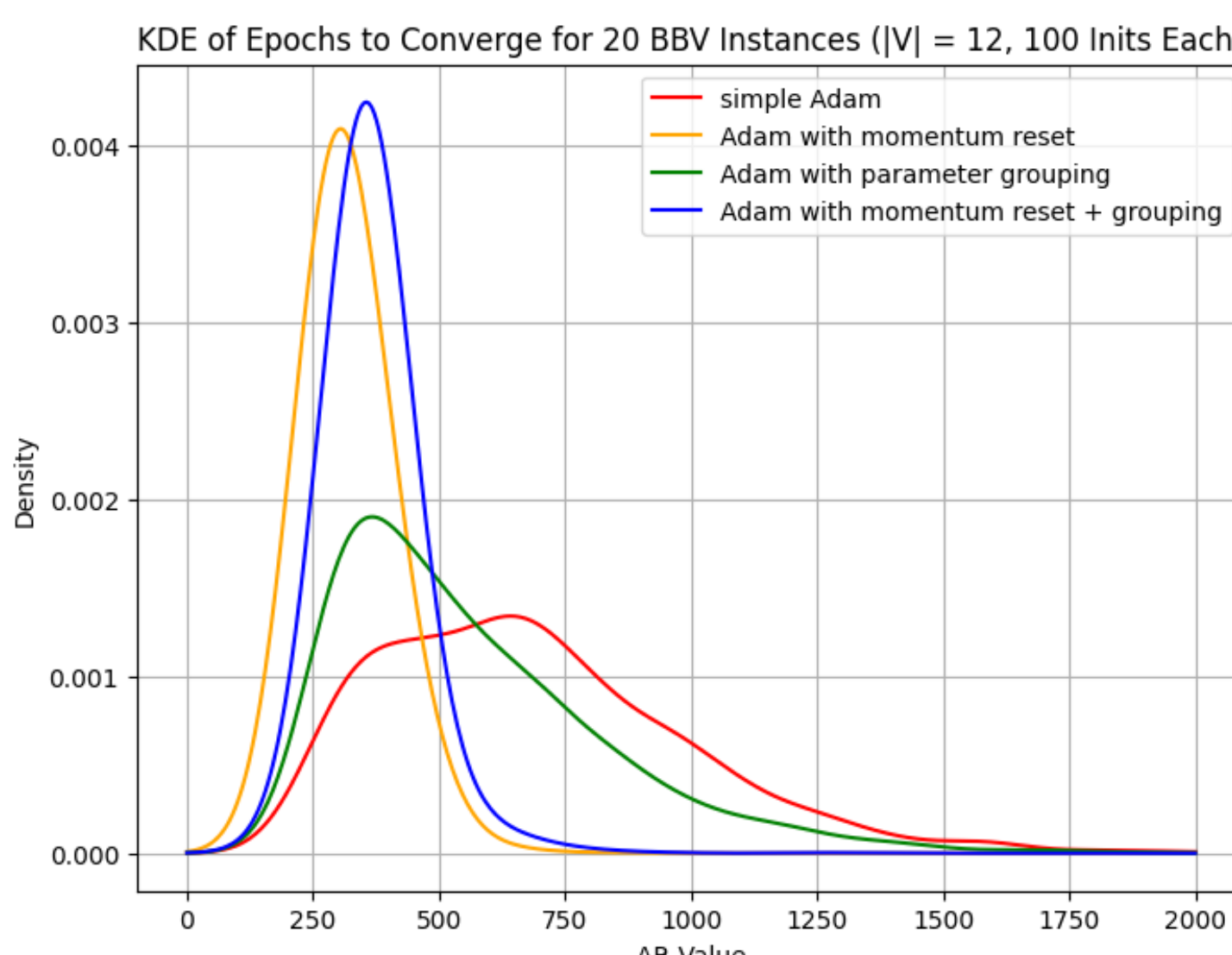
實驗結果

透過以下的圖表我們可以得知，在圖節點數為12、15或18的情況下，我的改進優化方法都能獲的穩定的效果與效率提升。



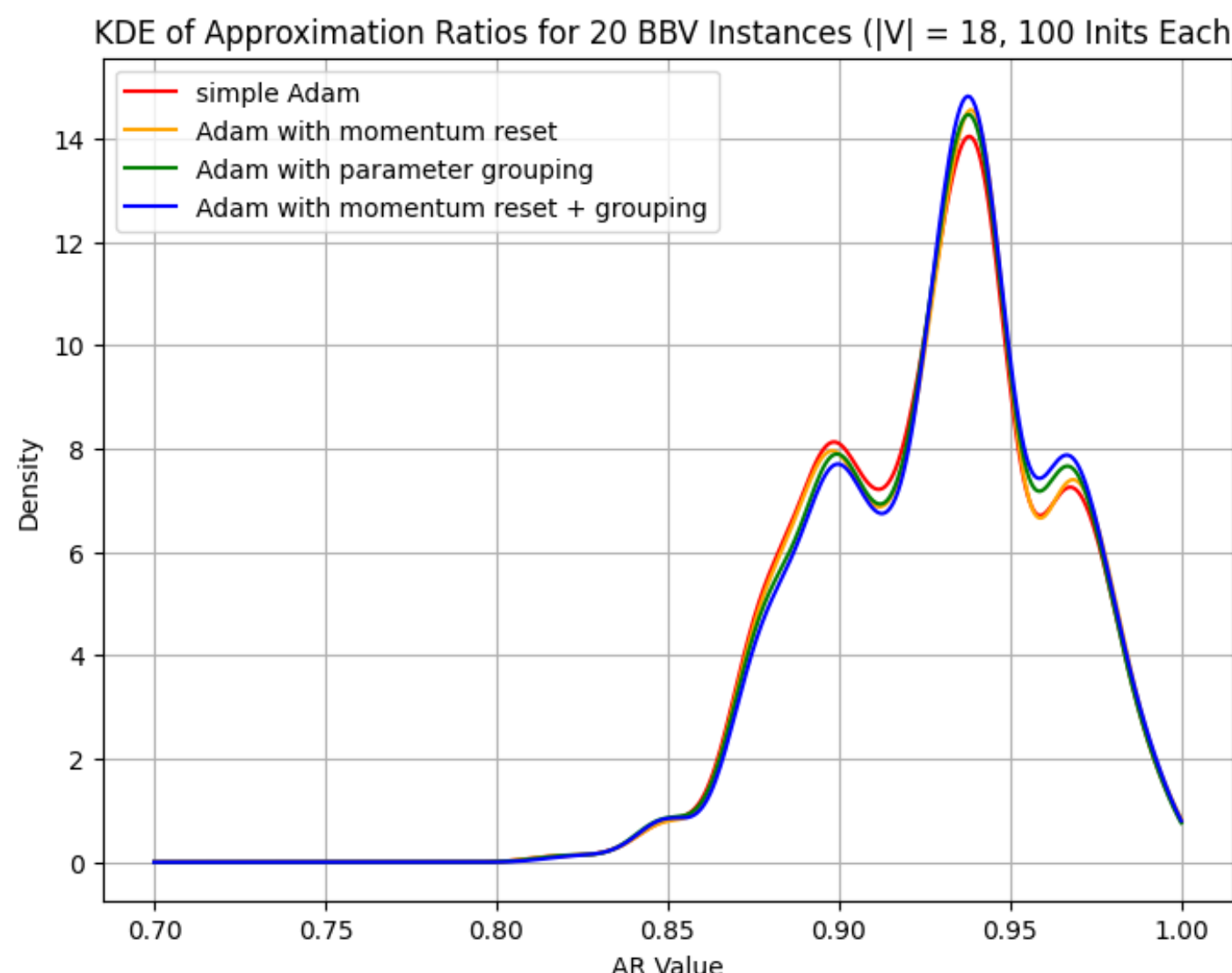
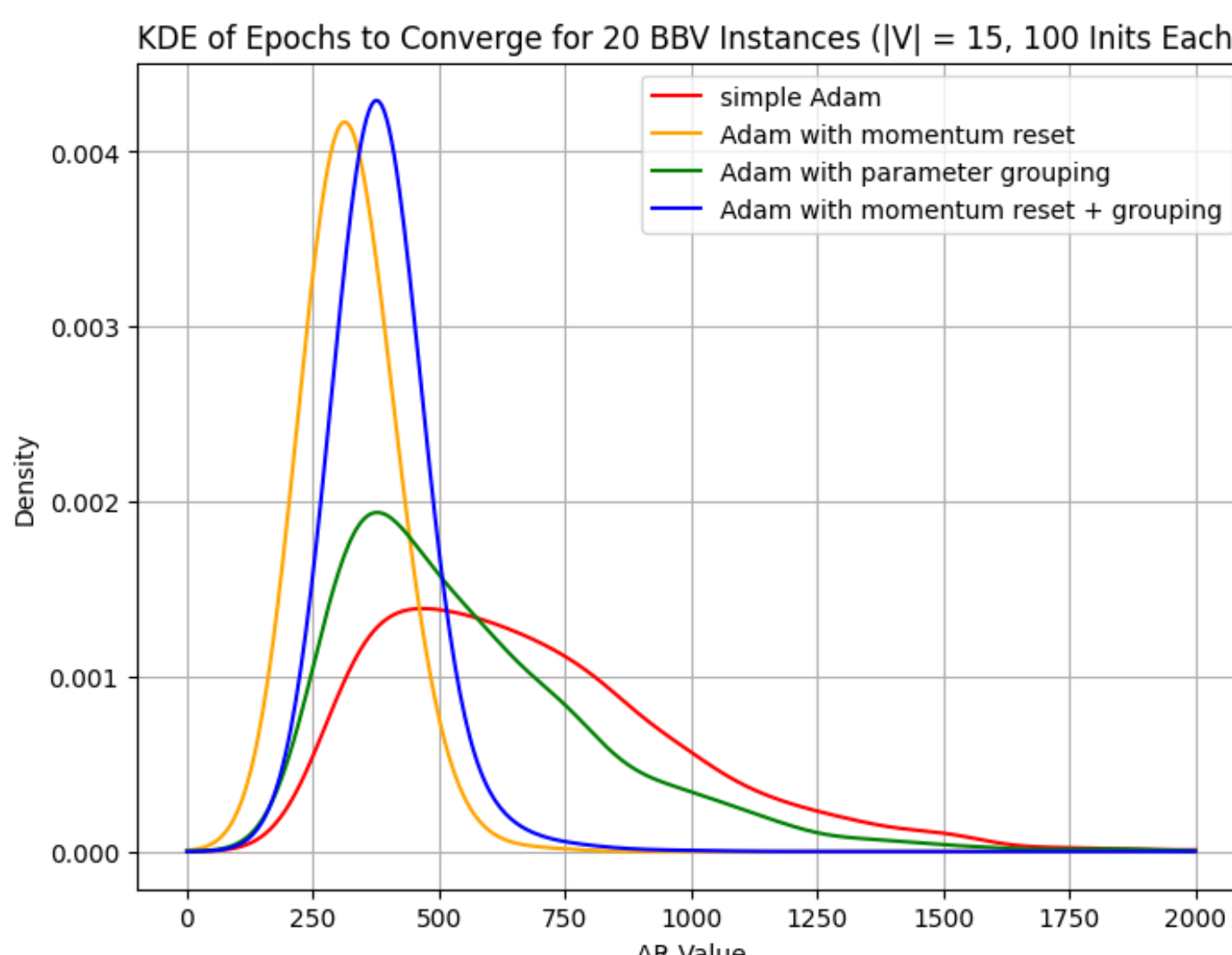
$|V| = 12$ 時，20個隨機BBV 網絡實例，每個實例取100次隨機初始參數

的AR與收斂步數之核密度估計圖 (核函數為[0,1]範圍的Truncated normal distribution)



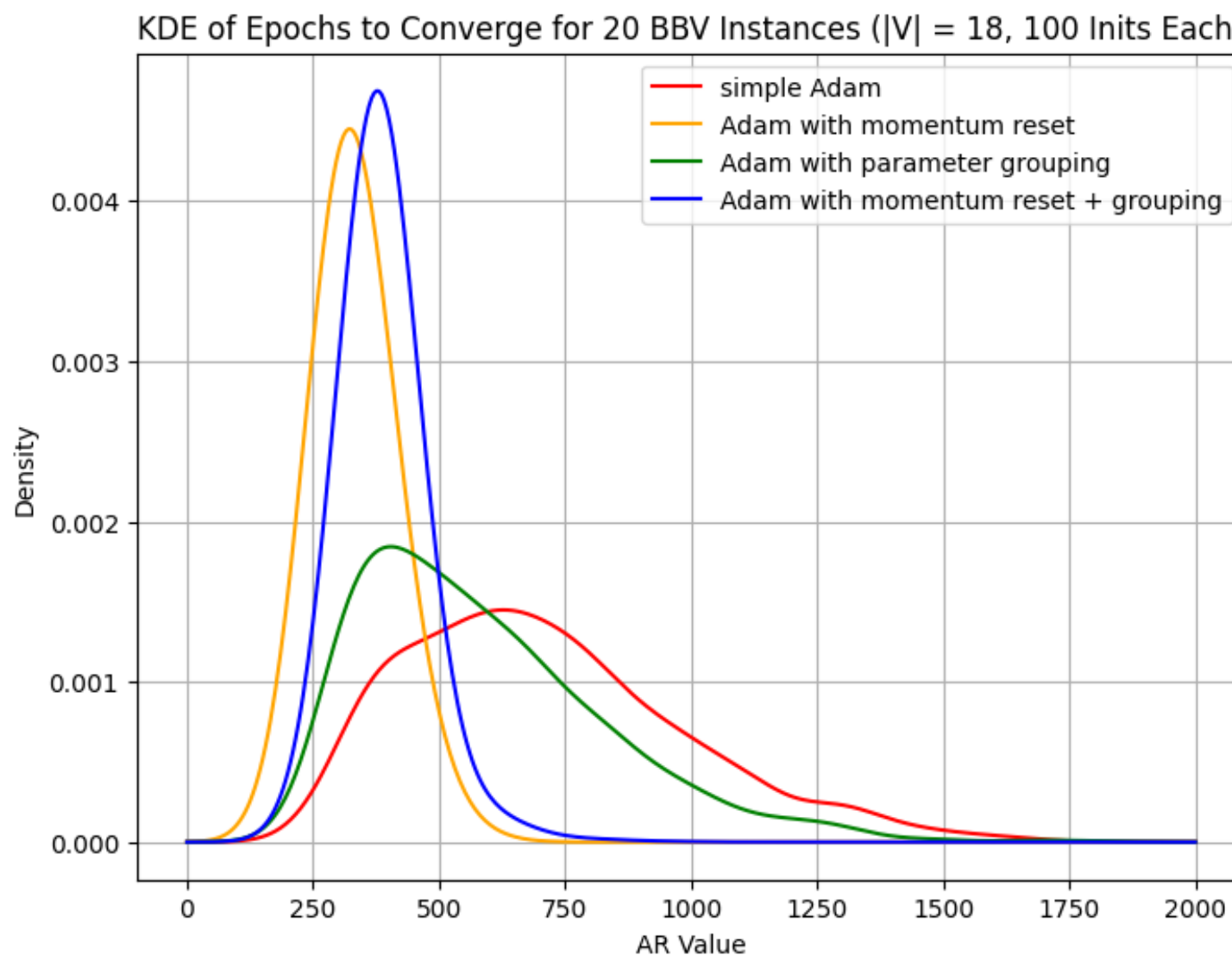
$|V| = 15$ 時，20個隨機BBV 網絡實例，每個實例取100次隨機初始參數

的AR與收斂步數之核密度估計圖 (核函數為[0,1]範圍的Truncated normal distribution)



$|V| = 18$ 時，20個隨機BBV 網絡實例，每個實例取100次隨機初始參數

的AR與收斂步數之核密度估計圖 (核函數為[0,1]範圍的Truncated normal distribution)



$|V| = 12$ 、 $|V| = 15$ 及 $|V| = 18$ 時，20個隨機BBV 網絡實例，每個實例取100次隨機初始參數的AR之平均值
(四捨五入至小數點後第6位)

	單純Adam	Adam+動量重置	Adam+參數分組	Adam+動量重置+參數分組
$ V = 12$	684.627	318.4535	561.966	366.653
$ V = 15$	685.94	324.1865	568.1655	386.0735
$ V = 18$	711.5395	333.169	586.3435	387.35