

Stochastyczne Algorytmy Obliczeniowe

Zastosowanie algorytmu genetycznego do rozwiązywania problem replikacji danych w środowisku rozproszonym

Andrzej Kaczmarczyk

Marcin Łoś

1 Wstęp

Celem projektu było wybranie jednego problemu obliczeniowego, zapoznanie się z istniejącymi jego rozwiązaniami, oraz próba ulepszenia któregoś z nich. Nasz wybór padł na problem replikacji danych w systemach rozproszonych, oraz rozwiązanie oparte na algorytmie genetycznym, opisane w [1].

2 Opis problemu

Dany jest system rozproszony, składający się z M hostów $\{H_i\}$, o pojemnościach s_i , połączonych siecią komunikacyjną tak, że koszt przesyłu jednostki danych pomiędzy H_i i H_j wynosi $C(i, j)$. Istnieje także N obiektów $\{O_i\}$, o rozmiarach o_i . Host H_i wykonuje na obiekcie O_k odpowiednio $r_k^{(i)}$ operacji odczytu, i $w_k^{(i)}$ operacji zapisu. Każdy obiekt O_i znajduje się pierwotnie na jednym hoście, SP_i .

Obiekty mogą zostać zreplikowane na inne hosty, tak, że suma rozmiarów obiektów zreplikowanych na hoście H_i nie przekracza jego pojemności s_i . Wszystkie hosty mają pełną wiedzę o replikach obiektów. Operacja odczytu obiektu O_k z hosta H_i przebiega w ten sposób, że obiekt jest wysyłany do hosta H_i z najbliższego mu hosta zawierającego replikę O_k . Operacja zapisu natomiast odbywa się w ten sposób, że host H_i wysyła nowy stan obiektu do hosta SP_k (pierwotnego miejsca zawierającego O_k), a ten rozsyła informację o zmianie do pozostałych hostów zawierających repliki O_k .

Koszt sumaryczny przy danym rozłożeniu replik to suma kosztów przesyłania obiektów spowodowanego operacjami odczytu i zapisu, przebiegającymi w opisany powyżej sposób. Koszt pojedynczego przesyłu to iloczyn ilości przesyłanych danych (rozmiaru obiektu) i kosztu jednostkowego przesyłu między hostami (danego przez $C(i, j)$). Problem polega na znalezieniu replikacji minimalizującej koszt sumaryczny.

Nieco bardziej szczegółowy opis, wraz z wzorami na całkowity koszt znaleźć można w [1].

3 Istniejące rozwiązania

4 Rozwiązanie bazowe

Jako punkt wyjściowy przyjęliśmy rozwiązanie zaproponowane w [1]. Po szczegółowy jego opis odsyłamy do samej pracy, ta sekcja zawiera krótkie objaśnienie jego działania i używanych pojęć.

Algorytm składa się z dwóch głównych części – algorytmu zachłannego (**Simple Replication Algorithm**), używanego do tworzenia populacji początkowej, oraz algorytmu genetycznego (**GRA**).

Działanie SRA opiera się o „korzyść z replikacji” (**replication benefit**), stanowiącego dla każdej partycypacji (obiekt, host) miarę „lokalnego zysku” z replikacji tego obiektu na tym hoście (stosunek zysku – jak zmieni się koszt indukowany przez operacje **tego hosta** na tym obiekcie – do wielkości obiektu, tj. zysk na jednostkę wielkości). Kolejno dla wszystkich hostów wybierany jest obiekt o największym takim relatywnym zysku, i dodawana jest do hosta jego replika, dopóki nie skończy się miejsce na hostach, bądź możliwości replikacji z dodatnim zyskiem. Elementem losowym jest kolejność rozważania hostów, dzięki temu algorytm nie jest całkiem deterministyczny, i może zostać użyty do wygenerowania populacji początkowej.

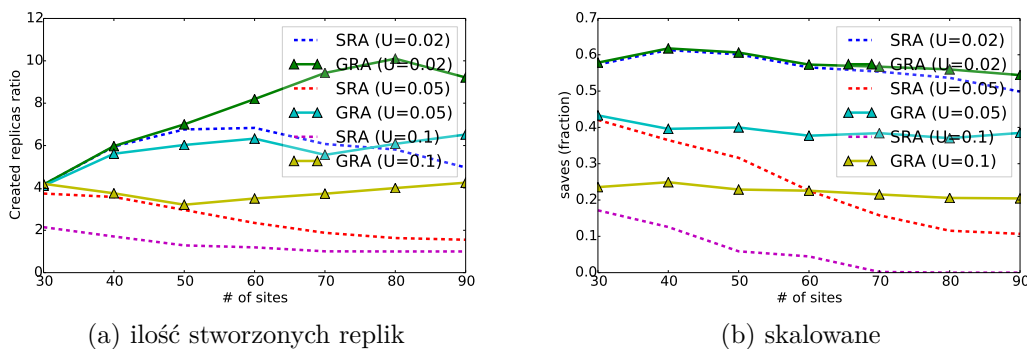
Algorytm genetyczny tworzy początkową populację przy pomocy SRA, a następnie symuluje jej ewolucję. Zawiera zarówno mutację, jak i krzyżowanie. Przez *gen* rozumiemy dalej ciąg bitów dla pojedynczego hosta, po jednym bicie na każdy obiekt, gdzie wartość bitu odpowiada istnieniu repliki danego obiektu na tym hoście. Mutacja realizowana jest przez iterowanie po wszystkich obiektach i hostach, i z pewnym niewielkim prawdopodobieństwem (2%) dodawaniu lub usuwaniu replik z hosta, tak by zmienić stan istniejący (odwracanie bitów w genie). Jeśli w wyniku takiego odwrócenia bitu powstaje genom niepoprawny (schemat replikacji nie spełniający założeń), bit jest odwracany ponownie. Krzyżowanie to wymiana fragmentów genów pomiędzy dwoma genomami, wybranych poprzez wylosowanie w każdym genie dwóch punktów. Jeśli po wymianie stan jest niepoprawny, wymieniana jest reszta genu, to wystarczy by zagwarantować poprawność rezultatu krzyżowania. Selekcja odbywa się metodą ruletkową, z podejściem elitystycznym (kopiowanie najlepszych osobników).

5 Narzędzia

Do realizacji implementacyjnych aspektów projektu wykorzystaliśmy język Python i bibliotekę PyEvolve [2], dostarczającą różnych komponentów (np. strategie selekcji) pozwalających budować algorytmy genetyczne. Do implementacji rozproszonej użyte zostało MPI, za pośrednictwem Pythonowych bindingów udostępnianych przez bibliotekę mpi4py [3].

6 Przebieg prac

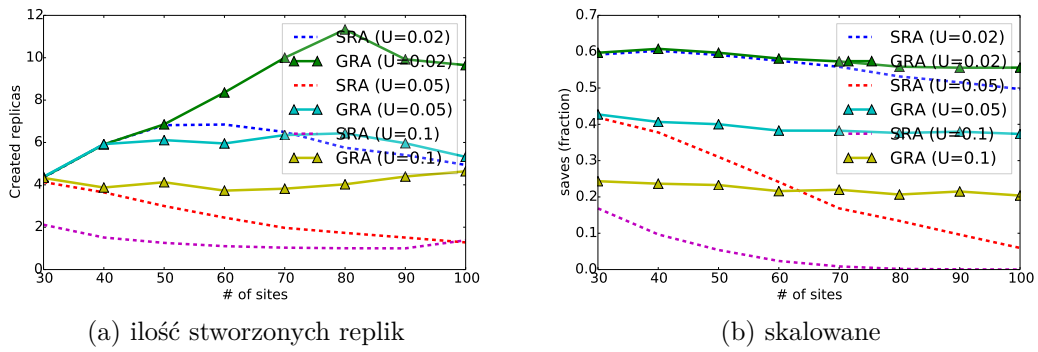
Pierwszym celem po dokładnym zapoznaniu się z artykułem, na którym bazuje projekt, było odtworzenie zaprezentowanych w nim wyników. W tym celu zaimplementowany został dokładnie przedstawiony w nim algorytm (zarówno deterministyczny zachłanny – SRA – jak i główny – GRA). Początkowo planowaliśmy użyć nieco innego generatora danych do testów, takiego, który w naszym odczuciu mógłby lepiej odwzorowywać własności instancji problemu, które występować mogą w praktyce. Dobranie jednak parametrów tak, by zaobserwować wyniki podobne do tych przedstawionych w artykule bazowym okazało się trudne, w związku z czym odtworzyliśmy wiernie sposób generacji danych w nim opisany. Po tym zabiegu udało nam się odtworzyć dość dobrze oryginalne wyniki. Poniższe wykresy przedstawiają kolejno: ilość stworzonych replik (średnia ilość replik na obiekt), oraz zysk (jaki ułamek kosztu całkowitego pozwoliło zaoszczędzić stworzenie replik) przy stałej ilości obiektów (150), i zmiennej ilości hostów. Są analogiczne do tych umieszczonych w artykule bazowym, brak jednak wykresu obrazującego zysk przy stałej ilości hostów i zmiennej ilości obiektów, ze względu na bardzo duży czas obliczeń (wada języka Python). Algorytm genetyczny skonfigurowany był na stworzenie 10 pokoleń.



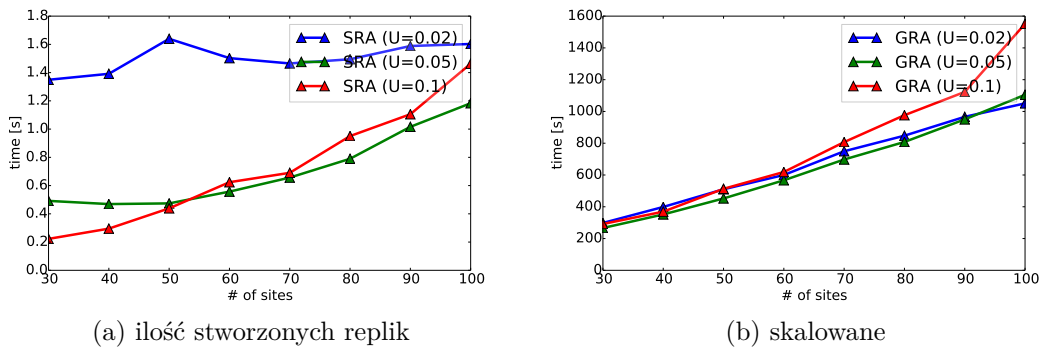
Rysunek 1: Wyniki dla algorytmu z artykułu

Następnie przystąpiliśmy do stworzenia wielopopulacyjnej wersji algorytmu opartej na modelu wyspowym. Ze względu na stosunkowo duże czasy obliczeń, by w rozsądnym czasie uzyskać wyniki dla odpowiednio dużej liczby wysp, zdecydowaliśmy na zaimplementowanie algorytmu w wersji rozproszonej. Używany przez nas framework PyEvolve posiada wbudowaną obsługę wielopopulacyjności i migracji osobników pomiędzy populacjami, opartą na MPI, jednak na chwilę obecną zdaje się być dość mało dojrzała, i niezbyt dobrze przetestowana – doprowadzenie naszej implementacji do działania wymagało pewnej ingerencji w odpowiadające za to mechanizmy platformy.

Testy wersji wielopopulacyjnej przeprowadzone zostały na komputerze Zeus, z użyciem 12 rdzeni (12 populacji, po jednej na instancję programu), zasymulowane zostało 20 pokoleń.



Rysunek 2: Wyniki dla algorytmu wyspowego



Rysunek 3: Czasy działania algorytmu wyspowego

Jak widać na powyższych wykresach, zastosowanie algorytmu wielopopulacyjnego nie przyniosło zauważalnej poprawy w otrzymanych rozwiązaniach.

[coś o próbach redukcji do ILP]

7 Podsumowanie

Zastosowanie algorytmu wielopopulacyjnego opartego na modelu wyspowym nie przyniosło żadnych widocznych korzyści. Istnieje kilka możliwych przyczyn takiego stanu rzeczy. Po pierwsze, trudno powiedzieć, na ile znajdowane rozwiązania dalekie są od rozwiązania optymalnego – przy niewielkiej ilości operacji zapisu algorytm obniża koszt sumaryczny o ponad połowę, niewykluczone, że rozwiązanie optymalne nie jest znacząco od niego lepsze. Przemawia za tym także fakt, że wyniki z 10 pokoleń wersji podstawowej i 20 pokoleń wersji wyspowej nie różnią się mimo dwukrotnego wydłużenia czasu ewolucji każdej z populacji.

Inną możliwą przyczyną jest niewielkie zróżnicowanie populacji na poszczególnych wyspach. Populacje wybierane są niezależnie przy użyciu tego samego schematu, i są raczej na tyle duże (80 osobników), że trudno się spodziewać, by istotnie się od siebie różniły.

Stąd, jedyną w zasadzie korzyścią z modelu wyspowego jest zrównoleglenie obliczeń – w pewnym sensie uruchamiamy (prawie) ten sam algorytm na wielu maszynach, dzięki czemu mamy szansę znaleźć lepsze rozwiązanie. Nie sposób jednak oczekiwać jakichś spektakularnych różnic.

8 Możliwe kierunki rozwoju

W trakcie realizacji projektu nie wszystkie pomysły zrodzone w czasie dyskusji i przemysłu zostały zrealizowane. Najistotniejsze kwestie są omówione w kolejnych akapitach.

Jakkolwiek algorytm wyspowy nie przyniósł żadnej obserwowalnej poprawy jakości otrzymywanych rozwiązań, w pewnym stopniu może być to spowodowane małym zróżnicowaniem populacji na poszczególnych wyspach. Niewykluczone, że stworzenie populacji bardziej zróżnicowanych (poprzez modyfikację rozkładów, z których są losowane – tj. przez użycie różnych sposobów ich inicjalizowania) przyniosłoby lepszy efekt.

Jednym z pomysłów, które ostatecznie nie zostały wprowadzone w życie, była relaksacja operacji genetycznych (mutacji i krzyżowania), polegająca na tym, by wymuszanie poprawności rozwiązań niejako przenieść do etapu ewaluacji – dopuszczać wszystkie stworzone osobniki, jednak stosować kary przy ewaluacji, tak, by osobnikami o największym fitnessie były osobniki z poprawnym genotypem, jednak by zwiększyć „mobilność” populacji – umożliwić zmiany genotypu, które bez relaksacji nie byłyby możliwe, i tym samym być może pozwolić na odkrycie trudnych do znalezienia minimów.

Otwarta pozostaje kwestia znalezienia lepszych operatorów mutacji i krzyżowania, bardziej dostosowanych do rozpatrywanej przestrzeni stanów. Był to jeden z pierwszych pomysłów, jednak nie osiągnęliśmy w tym kierunku żadnych postępów. Znalezienie sensownych operatorów wewnętrznych (nie wychodzących poza – dość nieregularną – przestrzeń stanów) pozwoliłoby uprościć algorytm, a ze względu na pewną „kompatybilność” z przestrzenią stanów być może także polepszyć znajdowane przez ich użycie rozwiązania. Wydaje się to być jednak zadanie stosunkowo trudne, i trudno na chwilę obecną powiedzieć, jakiego rodzaju operacji można by szukać.

Przemyśleć należałoby kwestię generowania danych testowych. Nasze początkowe próby przeprowadzane były na danych generowanych inaczej, niż w artykule, jednak wróciliśmy do niego by odtworzyć wyniki i przy nim pozostaliśmy. Nie jest on jednak w naszym odczuciu idealny. W szczególności obiekty budzić może topologię połączeń – w artykule bazowym odległości $C(i, j)$ pomiędzy poszczególnymi hostami są losowane z rozkładem jednostajnym ze zbioru $\{1, \dots, 10\}$. Najbardziej oczywistym problemem zdaje się być pogwałcenie nierówności trójkąta – C nie jest metryką. Trudno powiedzieć, w jaki sposób wpływa to na używany algorytm, jednak wydaje się prawdopodobnym, że mogą istnieć jakieś zmiany/ulepszenia, dla których jest to istotne.

Literatura

- [1] T. Loukopoulos I. Ahmad. *Static and Adaptive Data Replication Algorithms for Fast Information Access in Large Distributed Systems*

- [2] Biblioteka PyEvolve, http://pyevolve.sourceforge.net/0_6rc1/
- [3] Biblioteka mpi4py, <http://mpi4py.scipy.org/>