

# 2목적 네트워크 토폴로지 설계 문제를 풀기위한 새로운 인코딩 기반의 유전자 알고리즘에 대한 연구

김종율\*, 이재욱\*\*, 유정호\*\*

\*(주)비트웹 부설 한국아카데미공학연구소

\*\*동서대학교 인터넷공학부

e-mail:jrkim@bitwebkorea.com, julee@dongseo.ac.kr

## Study on New Encoding based GA for Solving Bicriteria Network Topology Design Problems

Jong-Ryul Kim\*, Jae-Uk Lee\*\*, Jung-Ho Yoo\*\*

\*R&D Center, Bitweb Inc.

\*\*Division of Internet Engg., Dongseo University

### 요 약

인터넷이 발전함에 따라 네트워크 시스템의 토폴로지 설계에 관한 여러 가지 문제들에 대한 관심이 증가하고 있다. 이러한 네트워크의 토폴로지 구조는 서비스 센터, 터미널(사용자), 연결 케이블로 이루어져 있다. 근래에 이런 네트워크 시스템들은 사용자들로부터의 요구사항이 많아지고 있기에 주로 광케이블로 구축하는 경우가 점차 늘어나고 있다지만, 광케이블의 비싼 비용을 고려하면 네트워크의 구조가 스패닝 트리(spanning tree)로 구축되어 지는 것이 바람직하다고 볼 수 있다. 네트워크 토폴로지 설계 문제들은 연결 비용, 평균 메시지 지연, 네트워크 신뢰도 등과 같은 설계 기준들을 최적으로 만족하는 토폴로지를 탐색하는 것으로 정의될 수 있다. 최근에 유전자 알고리즘(GA)은 네트워크 최적화 문제, 조합 최적화 문제, 다목적 최적화 문제등과 같은 관련된 분야에서 많은 연구들이 이루어지고 있으며 또한, 많은 실세계의 문제를 위한 최적화 기술로서 그 잠재력을 매우 주목 받고 있다.

본 논문에서는 연결비용, 평균 메시지 지연, 네트워크 신뢰도를 고려하여, 광케이블로 구성되어 지는 광대역 통신 네트워크의 2목적 네트워크 토폴로지 설계 문제들을 풀기 위한 GA를 제안한다. 또한, 후보 네트워크 토폴로지 구조를 염색체(chromosome)로 표현하기 위해 Prüfer수(PN)와 클러스터 스트링으로 구성되어지는 새로운 인코딩 방법도 제안한다. 마지막으로 수치예를 통해 제안한 GA의 성능을 평가할 것이다.

### 1. 서론

통신 네트워크의 규모가 점차 확대되어짐에 따라 광대역 통신 네트워크를 위한 토폴로지 설계 문제는 네트워크 설계자, 네트워크 분석가와 같은 많은 관련 연구자들에 의해 주목을 받아 오고 있다. 고비용의 하드웨어/소프트웨어를 공유하고 원거리에서 메인 시스템에 접근을 제공하기 위해 통신 네트워크의 이용은 급속히 늘어나고 있다. 텔레커뮤니케이션, 컴퓨터 네트워킹, 하수도관 시스템, 기름 및 가스관 시스템 등과 같은 많은 실세계의 문제에서, 어떤 제약조건들을 만족하면서 목적함수들을 최적화하는 네트워크 시스템을 설계하는 것은 매우 중대한 문제이다. 최근에 사용자로부터의 요구사항들이 늘어나고 있기에 통신 네트워크 시스템들은 광케이블로 구축되어진다.

일반적으로 대형 네트워크 시스템들은 백본으로 여러 네트워크들을 함께 묶어서 구성된다. 또한 근래에 네트워크를 구축하려고 할 때, 많은 잠재력을 가지고 있어 광케이블이 주로 사용된다. 그러나 광케이블의 비싼 비용을 고려하면 네트워크의 구조가 스패닝 트리로 되는 것이 바람직하다고 볼 수 있다. 따라서, 전반적인 네트워크의 구조로 적당한 모델은 고용량의 케이블로 이뤄진 백본(transport) 네트워크로서

비스 센터들을 연결하고 분산(distribution) 네트워크로 그 사용자를 연결하는 것이라고 할 수 있다.

또한, 이러한 통신 네트워크 시스템의 토폴로지를 설계할 때 중요한 것중의 하나는 구축비용, 평균 메시지 지연시간, 통신량, 신뢰도 등과 같은 성능측도를 최적화하는 최상의 레이아웃을 탐색해 내는 것이다. 이러한 시스템의 성능측도들은 매우 중요하며 네트워크 토폴로지에 의해 좌우된다.

GA는 많은 실세계 문제들을 풀기 위해 자주 이용되고 있으며 네트워크 최적화 문제들의 최적화 기술로서의 잠재력을 매우 주목받고 있는 기법이다 [1,2]. 그리고 다목적 문제를 위한 GA 기법이 많이 연구되고 있고 운송 문제(transportation problems) [3], 최소 스패닝트리 문제(minimum spanning tree problems) [5], 생산프로세스 계획 문제(production process planning problems) [4] 등과 같은 문제들에서도 다목적 문제에 대한 기법으로서 많이 연구되고 있다.

최적의 네트워크 토폴로지를 찾아내는 것은 매우 복잡한 조합 최적화 문제이며 NP-hard 최적화 문제로 분류될 수 있다. 전통적인 방법들을 이용하면, 네트워크의 규모가 지수적으로 확대되어지는 경우, 네트워크 토폴로지 설계 문제를 풀기가 힘들어진다.

따라서, 유전자 알고리즘(GA)을 기초로 하는 휴리스틱 알고리즘같은 방법이 주목을 받고 있다 [6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14].

본 논문에서는 연결비용, 평균 메시지 지연, 그리고 네트워크 신뢰도를 고려한 2목적 네트워크 설계 문제들을 풀기 위해 GA를 제안한다. 실제 네트워크 구조로 스페닝트리 토폴로지만이 이용될 수 있는 조건이 있기 때문에 스페닝 트리를 표현하기 위해서 PN [5]과 클러스터 문자열(clustering string)을 이용한 새로운 인코딩 방법을 제안한다. 제안한 인코딩 방법을 이용하면  $n$ 개의 서비스 센터들과  $m$ 개의 사용자들(stations)로 구성되어지는 문제들을 위해 필요한 메모리는 단지  $n+m-2$ 뿐이다. 그러나, Dengiz, Altiparmak, Smith [7, 8]에 의해 개발되어진 에지(Edge) 기반 인코딩을 이용하면  $(n+m) \times (n+m-1)/2$ 의 메모리가 필요로 하게 된다. 본 논문에서의 문제들이 두개의 목적함수들을 가지고 있기에 모든 목적함수를 하나의 측도로 나타내기 위해 제안한 GA에서는 가중화(weighted sum) 평가법을 이용한다. 마지막으로 수치예를 통해 제안한 GA를 이용하여 얻어진 결과의 효율성과 효과성을 살펴 볼 것이다. 또한, 제안한 GA의 결과와 Dengiz, Altiparmak, Smith [7, 8]에 의해 제안된 에지기반의 인코딩방법을 이용한 GA의 결과를 비교하여 볼 것이다.

2. 2목적 네트워크 토폴로지 설계 문제

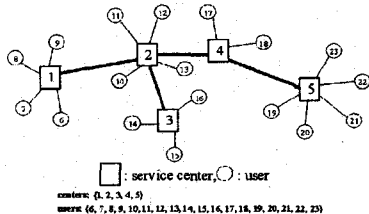


그림 1. 간단한 네트워크 구조

$n$ 개의 서비스 센터들과  $m$ 개의 사용자들로 구성되어지는 네트워크를 고려할때, 예를 들어 그림 1과 같이 5개의 서비스 센터와 18개의 사용자들로 구성되는 네트워크를 생각해보자. 본 논문에서는 그림 1과 같은 네트워크에서의 평균 메시지 지연과 연결비용을 고려한 2목적 네트워크 토폴로지 설계 문제, 그리고 네트워크 신뢰도와 연결비용을 고려한 2목적 네트워크 설계문제를 다룬다. 특히, 평균메시지 지연은 M/M/1 모델[4]을 기반으로 하여 하나의 클러스터(센터)의 동작을 묘사하기 위해 이용한다. 메시지 지연의 목적함수에 대한 보다 더 자세한 설명과 본 논문에서 다루는 2종류의 2목적 네트워크 토폴로지 설계 문제에 대한 0-1 비선형 계획의 수학적모델은 참고문헌 [17]에서 찾아 볼 수 있다.

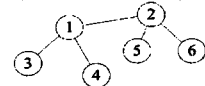
3. 유전자 알고리즘

3.1. 유전자 표현 및 초기화

유전자 표현은 코딩 공간에서 문제의 후보해를 표현하기 위한 자료구조를 의미한다. 보통 다른 종류의 문제들은 다른 자료구조 또는 유전자 표현을 사용하게 된다. Prüfer는 그러한 트리들과  $k$ 개의 숫자로 이뤄지는  $k-2$ 길이의 문자열들의 집합사이의 일대일 대응관계를 확증하였다[9]. 이것은  $k$ 개의 다른 숫자들로 구성되는  $k-2$ 개의 숫자열로 트리를 표현할 수 있다는 것을 의미한다. 이 숫자열을 Prüfer수(PN)라고 한다[18].

그림 2에 6개의 노드로 구성되어지는 스페닝트리를 PN (1 1 2 2)으로 표현하는 예를 나타내었다. 상위의 프

로시저에 의해 PN이 생성되는 과정을 묘사하면 다음과 같다: 먼저 가장 낮은 라벨을 가진 잎노드(leaf node)를 찾는다. 이경우에는 노드 3에 해당한다. 트리에서 노드 3은 노드 1에 연결되어 있으므로 PN의 첫숫자로 1을 할당하고 노드 3과 에지(3, 1)를 트리에서 제거한다. 이런 과정을 에지(2, 6)이 남을 때까지 반복하면 그림 2.의 트리에 대한 PN이 생성된다.



1 | 1 | 2 | 2 Prüfer number

그림 2. 트리와 그에 대한 Prüfer수(PN)

반면에 PN으로부터 트리를 생성하는 디코딩 과정을 살펴 보면,  $P=(1\ 1\ 2\ 2)$ 에 대해 노드 3, 4, 5, 6을 PN에 나타나지 않는 노드 집합으로  $\bar{P}=\{3, 4, 5, 6\}$ 와 같이 나타낼 수 있다. 노드 3은 제일 낮은 라벨을 가진 노드이고  $P$ 의 가장 왼쪽에 있는 숫자가 1이므로 노드 3과 노드 1을 연결한 후  $P$ 에서 노드 3을 PN에서 노드 1을 제거한다. 그 다음으로 노드 4와  $P$ 의 가장 왼쪽 숫자 1을 고려하여 노드 4와 노드 1을 연결한 후 각각 제거를 한다. 이때  $P$ 에서 숫자 1을 제거할 때 이제 더 이상 숫자 1이 나타나지 않기에 숫자 1을 집합  $\bar{P}$ 에 포함시킨다. 그럼,  $\bar{P}$ 는 (1, 5, 6)이 된다. 이러한 과정을 통해  $P$ 가 비어 지고  $\bar{P}$ 에 두개의 숫자가 남을때 까지 반복하고  $\bar{P}$ 에 남은 두 숫자의 노드를 서로 연결하면 그림 2.의 트리가 생성된다.

PN 인코딩은 가능한 모든 스페닝 트리를 표현할 수 있을 뿐만아니라 PN에 노드가  $d-1$ 번 나타나면 그 노드의 디그리(degree)는  $d$ 가 된다는 정보도 나타낼 수 있다. 즉, PN에 노드의 라벨이  $d-1$ 번 나타나면 트리에서 그 노드는  $d$ 개의 연결을 가지게 된다.

PN은 운송문제, 최소 스페닝 트리 문제 등과 같은 연구분야에서 스페닝 트리를 표현하기 위한 방법으로 적당하다는 연구들의 보고가 있다[2, 3, 5].

지금까지 PN 인코딩 방법에 대해서 소개하였다. 본 논문에서는 PN의 장점을 살리면서 보다 더 네트워크 토폴로지 설계문제에 적합한 유전자 표현을 위해 다음과 같은 두개의 유전자형을 가지는 인코딩 방법을 제안하였다: 서비스 센터는 PN으로 표현하고 사용자는 클러스터 문자열로 나타내는 것이다. 따라서 그림 3에 표시된 것과 같이 초기화 과정에서 서비스 센터는 영역  $[1, n]$ 에서 임의로  $n-2$ 개의 숫자(PN)로 생성하여 나타내고 사용자는 영역  $[1, n]$ 에서 임의로  $m$ 개 숫자(클러스터 문자열)로 생성한다. 여기서 클러스터 문자열은 어떻게 사용자를 서비스 센터에 할당되는지에 대한 정보를 나타낸 것으로 사용자가 어떤 특정 서비스 센터에 속하는 것을 의미한다. 본 논문에서의 유전자 표현은  $n+m-2$  길이로 나타내어 진다.

3.2. 평가법

단일목적 네트워크 토폴로지 설계 문제는 목적함수치에 따라 각각의 염색체의 적합도 값을 계산하면 되므로 간단히 다룰 수 있다. 그러나 2목적 네트워크 토폴로지 설계 문제에서는 각각의 목적함수치는 계산할 수 있으나 실제로 목적함수들이 서로 베타적으로 트레이드 오프(Trade-off)관계를 취할 경우에는 쉽게 적합도 값을 계산해 내기 힘들다. 즉, 절대적인 최적해는 얻을 수 없고 단지 파레토 최적해들(Pareto optimal solutions)만을 얻을 수 있다. 만일 하나의 목적함수치를 희생하지 않으면서 다른 목적함수치를

최적화 할 수 있는 실행가능해  $X$ 가 존재하지 않는다면 실행가능해  $X'$ 는 파레토 최적해라고 할 수 있다. GA에서 적합도 값을 계산하기 위한 적합도 함수를 정의하기 위해 본 논문에서는 가중화 방법을 이용한다. 따라서, 2개의 목적함수들을 평가하고 하나의 적합도 값으로 변환하여 각각의 염색체들을 평가하는 방법을 이용한다. 본 논문에서의 평가방법에 대한 보다 자세한 정보는 Gen과 Cheng의 책에서 참조할 수 있다 [2].

3.3. 트리기반의 네트워크 신뢰도 계산

실제 네트워크의 구성에 있어서 스페닝트리 만이 토폴로지 구성으로 사용될 수 있으므로, 네트워크의 신뢰도의 평가는 전체 트리를 부분 트리 및 하나의 노드로부터 가능하다[16].

신뢰도 측도로 본 논문에서는 모든 작동 노드(operative node)들이 연결되어질 확률로서 정의한다. 만일 노드와 에지(링크)같은 네트워크 구성요소들의 신뢰도가 정해져 있다고 한다면 스페닝 트리는 쉽게 계산될 수 있다. 루트를 가진 트리의 특성을 고려하면서 각 부분트리의 루트에 상태 벡터를 연관시킬 수 있다. 루트노드에 연관된 상태 벡터는 루트노드에 관련된 모든 정보를 포함하고 있다. 따라서 루트노드의 상태벡터가 나타내는 재귀관계(recursion relations)는 이미 정해진 부분트리들에 대한 상태벡터들을 통해 정의된다. 하나의 노드로 구성된 부분트리들에 대한 상태 벡터는 분명하다. 재귀관계를 이용하여 부분트리들의 상태 벡터는 전체 네트워크의 상태 벡터가 얻어질 때까지 더 큰 부분트리에 포함시켜 나가게 된다[19]. 트리의 재귀관계를 기반으로 하는 신뢰도 계산을 위한 프로시저에 대한 자세한 사항은 참고문헌 [17]을 살펴보자.

3.4. 선택법

GA에서 선택연산은 매우 중요한 역할을 한다. 교차 및 돌연변이 같은 유전자 연산들은 해공간에서의 탐색을 위한 탐험연산이라고 한다면 선택연산은 진화 과정을 인도하는 GA를 위한 개척연산이라고 할 수 있다. 본 논문에서 사용된 선택 연산은 자유로이 해공간을 탐색하도록 하기 위해 룰렛휠(roulette wheel)방법과 elitist방법을 혼합한 연산이다. 적합도 비례 방법(fitness-proportional method)중 하나인 룰렛휠 선택연산은 임의로 새로운 세대를 생성하기 위하여 이용되고 elitist방법은 룰렛휠 연산의 오류를 극복하고 가장 좋은 적합도를 가진 염색체를 유지하기 위해 사용된다.

3.5. 교차

그림 3에서와 같이 균등교차(uniform crossover)로도 불리는 다점 교차(multi-point crossover)를 이용한다.

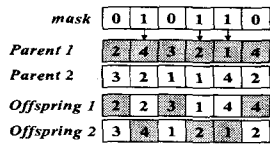


그림 3. 다점 교차 연산자

3.6. 돌연변이

본 논문에서의 돌연변이 연산은 하나의 염색체에서 임의로 선택된 두 개의 위치에 있는 유전자 표현형들을 교환하는 그림 4와 같은 교환 돌연변이를 사용한다.

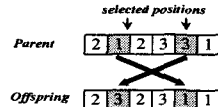


그림 4. 교환 돌연변이 연산자

3.7. 염색체의 수정

각 센터에 연결할 수 있는 최대수에 대해 제약 조건이 존재하기 때문에 임의로 염색체를 생성시키는 초기화 과정에서 또는, 교차를 통해 생성되는 자손염색체들에서 센터의 최대 연결 가능수에 대한 제약조건을 위반하는 비 실현 가능해가 생성될 수가 있다. 본 논문에서는 비 실현 가능해를 수정하여 실현 가능해로 만드는 방법을 이용한다.

$G$ 를 센터 최대 연결가능 수를 위반하지 않은 센터들의 집합이라고 하자. 만약 센터  $i$ 가 최대 연결 가능수  $g_i$  제약조건을 위반하였다면, 이것은 이 센터  $i$ 가 염색체내에  $g_i-1$ 이상 존재한다는 것을 의미한다.  $G$ 에 있는 센터들 중에 하나를 센터  $i$ 와 바꾸어서  $g_i$ 미만이 되도록 함으로써 수정할 수 있다.

4. 수치예

본 논문에서 제안하는 GA는 2목적 네트워크 토폴로지 설계 문제들을 풀기위해 제안하였다. 제안한 방법을 테스트하기 위해 4가지 수치예를 통해 성능을 알아 보기로 한다. 우선 제안한 GA의 성능을 평가하기 위해 평균 메시지 지연을 최소화하는 단일 목적함수를 가진 수치예를 다룬다. 이 실험의 결과는 표 1.에 정리되어 있다.

표 1. 평균 메시지 지연만을 고려한 결과

	$n$	$m$	$C_i$	$\beta_{ij}$	GA*	Proposed GA
Example 1	4	8	50	0.1	0.1933	0.09778
Example 2	6	30	300	0.1	0.0329	0.01784

GA\*: GA proposed by reference [6]

수치예 1: (Delay & Cost)

수치예1은 4개의 서비스 센터( $n=4$ ), 8개의 사용자( $m=8$ )를 가지고,  $g_i$ 는 3으로 설정되며, 센터  $i$ 와 센터  $j$ 간의 에지 가중치 ( $w_{ij}$ )는 [100, 200]에서 임의로 생성되어 설정되고, 센터  $i$ 와 사용자  $j$ 의 에지 가중치 ( $w_{2ij}$ )는 [1, 100]에서 임의로 생성되어 설정되고 센터  $i$ 의 통화 용량( $C_i$ )은 50으로 설정되는 예제이다.

수치예 2:(Delay & Cost)

수치예2은 6개의 서비스 센터( $n=6$ ), 30개의 사용자( $m=30$ )를 가지고,  $g_i$ 는 10으로 설정되며, 센터  $i$ 와 센터  $j$ 간의 에지 가중치 ( $w_{ij}$ )는 [100, 200]에서 임의로 생성되어 설정되고, 센터  $i$ 와 사용자  $j$ 의 에지 가중치 ( $w_{2ij}$ )는 [1, 100]에서 임의로 생성되어 설정되고 센터  $i$ 의 통화 용량( $C_i$ )은 300으로 설정되는 예제이다.

수치예 3: (Network Reliability & Cost)

수치예3은 수치예1과 같은 문제의 파라미터들을 가지고 있는 예제이다.

수치예 4: (Network Reliability & Cost)

수치예4도 수치예2와 같게 문제 파라미터들이 설정되었다.

센터들의 동작 확률은 0.95로 설정되며, 사용자의 동작 확률은 0.9로, 센터간의 에지는 0.9로, 센터와 사용자간의 에지는 0.85로 설정되고  $R_{min}$ 은 0.9로 설정된다. 또한, 수치예제들에 대한 사용자 통화량 행렬  $U$ 는 참고문헌 [17]에서와 같이 설정된다. 그리고, GA를 위한 파라미터들은 다음과 같이 설정된다: 집단 크기는 100 ( $pop\_size=100$ ), 최대 세대수는 500

( $max\_gen=500$ ), 교차율은 0.3 ( $p_c=0.3$ ), 돌연변이율은 0.7 ( $p_m=0.7$ )로 설정하여 총 20번 실험하였다. 파레토 최적해들이 대부분의 경우에서 발견되었다.

표 2와 그림 5.(지면관계상 수치예1의 결과를 나타내었다)에서 볼 수 있듯이 본 논문에서 제안된 엔코딩 방법이 Dengiz, Altiparmak, Smith [7, 8]에 의해 제안된 엔코딩 방법보다 더 좋은 결과를 나타내었다는 것을 알 수 있다.

표 2. 제안한 엔코딩법과 예지 기반 엔코딩의 비교

Example No.	Proposed Encoding		Edge-based Encoding#	
	ACT (sec.)	Memory Size $n+m-2$	ACT (sec.)	Memory Size $(n+m)(n+m-1)/2$
1	5.07	10	7.12	66
2	32.29	34	*	630
3	5.16	10	9.37	66
4	33.38	34	*	630

#: Edge-based Encoding proposed by Reference [7, 8]

ACT: Average Computation Time

\*: Not executable

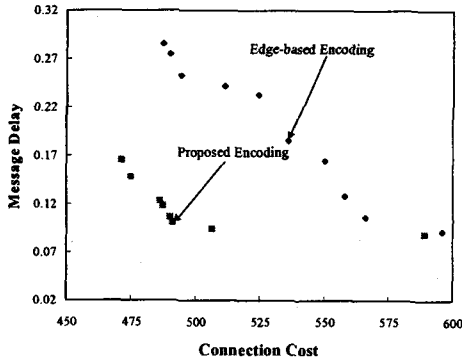


그림 5. 수치예 1의 결과

5. 결론

본 논문에서는 2개의 목적함수와 몇몇의 제약조건을 가진 2목적 네트워크 토폴로지 설계 문제를 풀기 위해 PN과 클러스터 문자열로 구성되는 새로운 엔코딩 방법을 이용한 유전자 알고리즘(GA)을 제안하였다. 또한 파레토 해들을 찾기 위한 방법도 이용하였다. 실험 결과 제안한 알고리즘은 대부분의 경우 2 목적을 고려한 파레토 해들을 찾아 낼 수 있었다.

본 논문에서는 통신 네트워크 상의 스패닝 트리를 표현하는 염색체를 나타내기 위해 PN과 클러스터 문자열이 이용 되었으며 타협해들을 얻기 위해 파레토 해들의 저장 기술도 이용되었다.

제안한 알고리즘의 효과를 증명하기 위해 본 논문에서는 2종류의 문제에 대해 각각 2개의 예제를 들어 실험을 실시하였다. 또한 제안한 엔코딩 방법의 효율성을 나타내기 위해 Dengiz, Altiparmak, Smith에 의한 예지 기반 엔코딩 방법과 비교 실험하였다. 표 2와 그림 5.에서 볼 수 있듯이 예지 기반 엔코딩 방법은 작은 크기의 문제에서는 해를 찾을 수 있으나 대 규모의 문제에서는 그 해를 찾을 수 없었다. 따라서, 제안한 알고리즘은 계산시간 뿐만 아니라 파레토 최적성의 관점에서도 보다 효율적이며 효과적인 방법이라고 할 수 있다.

참고문헌

- [1]Michalewicz, Z., Genetic Algorithms+Data Structures= Evolution Programs, 2nd eds., Springer-Verlag, 1994.
- [2]Gen, M. and R. Cheng, *Genetic Algorithms and Engineering Design*, John Wiley & Sons, New York, 1997.
- [3]Gen, M. and Y. Z. Li, Spanning tree-based genetic algorithm for bicriteria transportation problem, *Proceedings of Japan-China Joint International Workshops on Information Systems*, pp.123-134, 1997.
- [4]Zhou, G., and M. Gen, Evolutionary computation on multicriteria production process planning problem, *Proceedings of IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, pp.419-424, 1997.
- [5]Zhou, G., and M. Gen, Approach to degree-constrained minimum spanning tree problem using genetic algorithm, *Engineering Design & Automation*, Vol.3, No.2, pp.157-165, 1997.
- [6]Elbaum, R. and M. Sidi, Topological design of local-area networks using genetic algorithms, *IEEE/ACM Transactions on Networking*, Vol.4, No.5, pp.766-778, 1996.
- [7]Dengiz, B., F. Altiparmak, and A. E. Smith, A genetic algorithm approach to optimal topology design of all terminal networks, *Intelligent Engineering Systems Through Artificial Neural Network*, Vol.5, pp.405-410, 1995.
- [8]Dengiz, B., F. Altiparmak, and A. E. Smith, Efficient optimization of all-terminal reliable networks using evolutionary approach, *IEEE Transaction on Reliability*, Vol.46, No.1, pp.18-26, 1997.
- [9]Kumar, A., R., M. Pathak, Y. P. Gupta, and H. R. Parsaci, A genetic algorithm for distributed system topology design, *Computers and Industrial Engineering*, Vol.28, No. 3, pp.659-670, 1995.
- [10]Kumar, A., R., M. Pathak, and Y. P. Gupta, Genetic-algorithm-based reliability optimization for computer network expansion, *IEEE Transactions on Reliability*, Vol.44, No.1, pp.63-72, 1995.
- [11]Walters, G. A. and D. K. Smith, Evolutionary design algorithm for optimal layout of tree networks, *Engineering Optimization*, Vol.24, pp.261-281, 1995.
- [12]Deeter, D. L. and A. E. Smith, Heuristic optimization of network design considering all-terminal reliability, *Proceedings of Annual Reliability and Maintainability Symposium*, pp.194-199, 1997.
- [13]Gen, M., K. Ida, and J. R. Kim, A Spanning Tree-based Genetic Algorithm for Bicriteria Topological Network Design, *Proceedings of IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, pp.15-20, 1998.
- [14]Gen, M., K. Ida, J. R. Kim, and J. U. Lee, Bicriteria Network Design using Spanning Tree-based Genetic Algorithm, *Proceedings of 3rd International Symposium on Artificial Life and Robotics*, Vol.1, pp.43-46, 1998.
- [15]Hwang, C. and K. Yoon, *Multiple Attribute Decision Making: Methods and Applications*, Springer-Verlag, Berlin, 1981.
- [16]Kershenbaum, A., *Telecommunication Network Design Algorithms*, McGraw-Hill, Inc., New York, 1993.
- [17]Kim, J. R. *Study on Advanced Genetic Algorithms for Reliable Network Design*, Doctoral Dissertation, Ashikaga Institute of Technology, 2001.
- [18]Skiena, S., *Implementing Discrete Mathematics Combinatorics and Graph Theory with Mathematica*, Addison-Wesley, Reading, MA, 1990.
- [19]Kershenbaum, A. and R. Van Slyke, Recursive analysis of network reliability, *Networks*, Vol.3, pp.81-94, 1973.