

멀티캐스트 라우팅을 위한 다목적 마이크로-유전자 알고리즘

전성화^o 한치근
 경희대학교 컴퓨터공학과
 {zolac^o, cghan}@khu.ac.kr

Multi-Objective Micro-Genetic Algorithm for Multicast Routing

SungHwa Jun^o ChiGeun Han
 Dept. of computer Engineering, Kyunghee Univ.

요 약

다목적 최적화 문제의 목표는 다양한 파레토 최적해(Pareto Optimal Solution)를 찾는 데 있으며, 마이크로-유전자 알고리즘(Micro-Genetic Algorithm)은 단순 유전자 알고리즘(Simple Genetic Algorithm)에 비해 소수의 유전자들만을 선별하여 진화시키는 방식으로 효율성을 극대화시킨다. 본 논문에서는 다양한 목적을 동시에 최적화하는 다목적 멀티캐스트 라우팅 문제를 해결하기 위해서 다목적 유전자 알고리즘과 마이크로-유전자 알고리즘을 결합한 다목적 마이크로-유전자 알고리즘을 적용하였다.

1. 서 론

최근 통신망의 발달과 함께 인터넷을 이용한 다양한 서비스가 제공되고 있다. 과거에는 인터넷을 통해 데이터 중심의 서비스가 주를 이루었지만, 최근에는 다양한 멀티미디어 서비스가 중심이 되고 있어 QoS(Quality of Service)가 무엇보다도 중요하게 되었다. 특히 많은 종류의 인터넷 서비스는 하나의 시작 노드(source node)에서 다수의 목적지 노드(destination node)로 서비스 되는 멀티캐스트 기법을 사용한다.

멀티캐스트에서 QoS를 판단하는 파라미터로는 각 에지의 비용으로 사용되는 혼잡도, 평균 트래픽비율, 네트워크 거리, 비용, 실시간 서비스를 위한 최소 지연 조건 등이 있다. 이들 파라미터들은 각각의 서비스에 따라 중요도가 달라질 수 있으며, 그 파라미터들은 서로에게 영향을 주는 Trade-off 관계에 있다. 따라서 멀티캐스트 문제는 다목적 최적화 문제(Multi-Objective Optimization Problem)에 속한다.

본 논문에서는 비용, 지연, 대역폭, 손실률의 4가지의 목적을 최소화하는 멀티캐스트 문제를 해결하기 위해 다목적 마이크로-유전자 알고리즘을 적용하였다.

2. 문제 정의

그래프 $G=(V,E,s,D)$ 는 노드의 집합 V 와 에지의 집합 E , 시작노드 $s \in V$, 목적지 노드 $D \subset V$ 로 이루어진 무향, 연결, 가중그래프이며, 멀티캐스트 라우팅을 모델링한다.

각각의 에지($e \in E$)는 지연시간(Delay), 비용(Cost), 대역폭(Bandwidth), 손실률(Lost rate)을 가진다. 멀티캐스트 라우팅 문제는 전체 네트워크 비용이 최소가 되는 시작 노드와 목적지 노드를 포함한 다음 목적 함수를 만족

하는 최소신장트리(Minimum Spanning Tree)를 구하는 문제와 같다.

$$\begin{aligned} & \text{Minimize } \sum_{e \in T} C(e), \text{ Minimize } \sum_{e \in T} D(e) \\ & \text{Minimize } \sum_{e \in T} B(e), \text{ Minimize } \sum_{e \in T} L(e) \end{aligned}$$

$C(e)$: 비용함수 $D(e)$: 지연함수
 $B(e)$: 대역폭함수 $L(e)$: 손실률함수

3. 다목적 마이크로-유전자 알고리즘

3.1 다목적 유전자 알고리즘 개요

유전자 알고리즘은 진화원칙을 기본으로 한 알고리즘으로 많은 최적화 문제에 적용되어 왔으며, 멀티캐스팅 문제에도 이미 적용되었다[1].

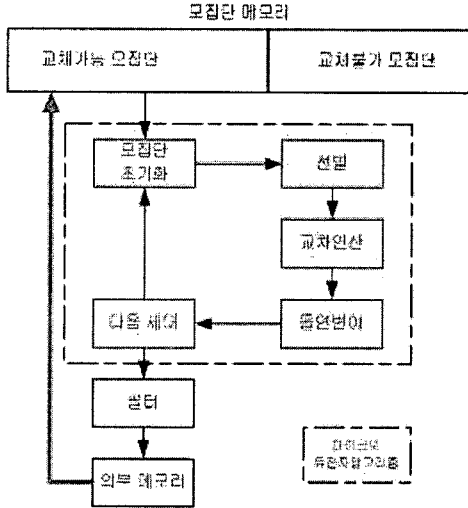
특히 다목적 유전자 알고리즘은 다목적 최적화 문제의 목표인 모든 목적을 동시에 만족하는 다양한 최적해를 구하는데 적용되었고, 이 해를 파레토 최적해(pareto optimal solution) 또는 비지배해(nondominated solution)라고 한다[2].

3.2 마이크로-유전자 알고리즘 개요

마이크로-유전자 알고리즘은 자체 모집단내에서 소수의 개체만을 선별하고, 선별된 적은 크기의 모집단으로 진화를 시키고, 그 개체들이 모집단에 교체되어감으로써 기존의 유전자 알고리즘보다 적은 양의 계산으로 최적해를 구할 수 있다[3].

다목적 마이크로-유전자 알고리즘은 초기의 모집단 메모리(population memory)를 이용하여 적은 크기의 모집단을 생성하고 외부메모리에 최적해를 저장하고 있어 유전자 알고리즘의 효율성을 높이며, 다양한 파레토 최적해를 찾도록 설계되어야 한다[4]. 다목적 마이크로-

유전자 알고리즘의 흐름도는 [그림1]과 같다.



[그림 1] 다목적 마이크로-유전자 알고리즘의 흐름도

```

Weighted Prim
G' = ( V' , E' )
T ← {s}
while V' - T ≠ do
    ( v , u ) ← Min2T()
    where v ∈ T, u ∈ V'-T
    add edge ( v , u ) to the tree
    T ← T + {u}
End Prim
    
```

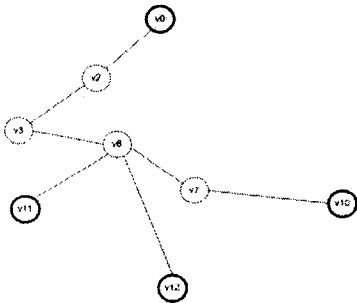
4.3 모집단 메모리 생성 및 초기화

본 알고리즘은 해의 다양성을 보장하기 위해 마이크로-유전자 알고리즘 모집단 메모리 기법을 사용한다. 모집단 메모리 기법은 일정 비율의 교체가능 메모리와 교체불가 메모리로 구성된다. 교체불가 메모리는 진화 과정 동안에도 변하지 않음으로 해의 다양성을 보장하는 역할을 한다. 모집단 메모리의 두 부분을 일정 비율로 선별하여 소수의 모집단을 생성하며, 이를 마이크로-유전자 알고리즘 모집단이라고 한다. 유전자 연산자에 의한 진화는 마이크로-유전자 모집단에서만 일어나게 되고, 교체가능 모집단은 선택된 마이크로-유전자 알고리즘 모집단이 수렴 조건을 만족한 후 진화된 개체가 교체되어 점진적인 진화가 일어난다[2].

4. 제안된 유전자 알고리즘

4.1 유전자 구성

본 논문에서 제안하는 유전자는 네트워크에서 시작노드(s)와 목적 노드들(D)을 제외한 중간 노드들로 구성된다. [그림3]은 [그림2]의 그래프를 제안된 방법으로 구성한 것이다. 멀티캐스트 트리에 포함된다면 1을 그렇지 않으면 0값을 가지며, 유전자의 크기는 (|V|-1-|D|)가 된다.



[그림 2] 멀티캐스트 트리

v1	v2	v3	v4	v5	v6	v7	v8	v9
0	1	1	0	0	1	1	0	0

[그림 3] 유전자 구성

4.2 디코딩

주어진 유전자를 사용하여 최소신장트리를 구성하며, 이를 위해 weighted prim's 알고리즘을 이용한다. weighted prim's 알고리즘의 의사코드는 다음과 같다.

4.4 적합 함수

다목적 유전자 알고리즘은 그 목적의 수만큼의 적합 함수가 존재하며, 본 논문에서는 비용함수, 지연함수, 대역폭함수, 손실률함수의 4가지의 목적함수가 존재한다.

$$\begin{aligned}
 & \text{Minimize } \sum_{e \in T} C(e), \text{ Minimize } \sum_{e \in T} D(e) \\
 & \text{Minimize } \sum_{e \in T} B(e), \text{ Minimize } \sum_{e \in T} L(e)
 \end{aligned}$$

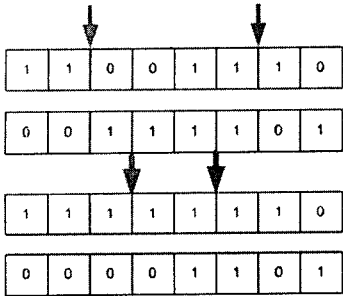
4.5 유전자 연산자

모집단의 토너먼트 선별법을 이용하여 비지배해를 선별할 확률을 높인다.

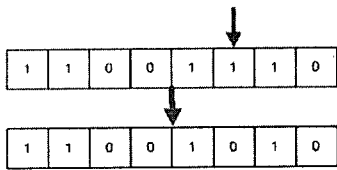
본 논문에서는 교차연산자는 이점 교차연산자와 돌연변이 연산자는 단일 돌연변이 연산자를 이용한다.

이점 교차연산자는 두 개의 부모 유전자에서 임의의 두 점을 선택하여 두 점 사이의 염색체를 교환하는 것으로 [그림3]과 같다.

단일 돌연변이 연산자는 한 개의 부모 유전자에서 임의의 한 점을 선택하여, 그 염색체가 0이라면 1로, 1이라면 0으로 변환하는 방법이며 [그림4]와 같다.



[그림 4] 이점 교차연산자



[그림 5] 단일 돌연변이연산자

4.6 보정연산

교차연산과 돌연변이연산을 통해 생성된 유전자들이 항상 가능해집합에 속하지는 않는다. 이러한 경우 생성된 유전자가 제약 사항을 만족하는 해가 되도록 수정하는 것을 보정연산이라고 한다.

본 논문에서 보정연산이 필요한 경우는 다음 두 가지 경우로 나누어진다.

첫째는 유전자를 이용하여 멀티캐스트트리를 구성하지 못하는 경우, 즉 weighted prim's 알고리즘을 이용하여 트리를 구성하려 할 경우에 선택된 중간 노드들만으로 트리를 구성할 수 없는 경우를 말한다.

이 점을 보정하기 위해서 주어진 그래프는 완전그래프(Complete Graph)로 변환한다. 선택된 중간 노드들과 시작노드, 목적노드들을 가지고 트리를 구성하며 기존 그래프에서 연결되지 않은 에지에 대해서는 두 노드의 최단 경로를 구하여 그 사이의 노드들은 1로 보정해 주는 연산이 필요하다.

둘째로 단말노드가 선택된 경우이다. 트리를 구성하고 난 후, 중간 노드들 중 단말노드가 존재 한다면 그 중간 노드들은 목적 노드로 가는 경로와는 무관하기 때문에 0으로 보정해 주는 연산이 필요하다.

4.7 필터

본 논문에서는 마이크로 유전자 알고리즘 단계에서 진화되어 나온 개체들 중 기존에 외부메모리에 저장되어 있는 개체들에 지배되지 않은 개체들을 외부메모리에 저장하고, 외부메모리 내의 개체들 중 어느 개체이라도 지배당하는 개체는 외부메모리에서 제외시킨다.

외부메모리가 가득 찬 경우는 적소 매커니즘을 통해 외부메모리에서 제외시킬 개체를 선별한다.

유전자 진화 과정에서 파레토 최적해들을 진화시키지만 다양한 파레토 최적해를 위해서는 특정 부분에 편중되기

보다는 고루 분포해야 한다. 파레토 최적해의 다양성을 보장하기 위하여 적소 매커니즘을 사용한다. 적소 매커니즘은 순위-적소[5]를 이용하며, 적소영역은 다음을 사용하여 결정한다.

$$\sigma_i = \frac{M_i - m_i}{\sqrt{nofN_p}}, i=1, \dots, n$$

n : 목적의 개수

M_i, m_i : 목적 i 에 대한 최대값과 최소값

N_p : 모집단의 수

4.8 교체가능 모집단 갱신

교체가능 모집단내의 개체들 중에 필터 과정에서 외부메모리로 저장되는 개체들에 지배당하는 개체가 있다면 지배당하는 개체를 지배하는 개체로 교체한다.

이러한 과정을 통해서 교체가능 모집단은 점진적으로 파레토 최적해로 진화해 나간다.

5. 결론 및 향후연구

본 논문에서는 효율적인 멀티캐스트 라우팅을 위하여 다목적 유전자 알고리즘과 마이크로-유전자 알고리즘을 결합한 방법을 제안하였다.

제안된 다목적 마이크로-유전자 알고리즘은 다양한 파레토 최적해를 찾을 수 있으며, 마이크로-유전자 알고리즘이 결합되었기 때문에 단순 유전자 알고리즘보다 높은 성능을 보일 것이라 예상된다. 앞으로 기존의 알고리즘과의 성능분석에 관한 다양한 시뮬레이션이 이루어져야 하겠다.

6. 참고 문헌

- [1] 서용만, 한치근, "실시간 멀티캐스트 라우팅을 위한 유전자 알고리즘", 경희대학교 석사학위논문, 2000
- [2] Andrje Osyczka. "Multicriteria optimization for engineering design", Design Optimization, pp.193-227, 1985.
- [3] K. Krishnakumar. Micro-genetic algorithms for stationary and non-stationary fuction optimization. In SPIE Proceedings: Intelligent Control and Adaptive Systems, pages 289-296, 1989.
- [4] Coello Coello, Carlos A. & Toscano Pulido, Gregorio, A Micro-Genetic Algorithm for Multiobjective Optimization, Lania-RI-2000-06, Laboratorio Nacional de Informática Avanzada, 2000
- [5] 현철주, 김여근, 혼합모델 조립라인의 다목적 투입순서 문제를 위한 유전알고리즘, 대한산업공학회지, 22(4), 533-549 1996.