유전자 알고리즘을 이용한 Bandwidth 와 End-to-end delay 제약조건을 만족하는 다중 경로 라우팅 알고리즘

*오상헌, **안창욱, *R.S. Ramakrishna
*광주 과학 기술원, **삼성종합기술원
*{oosshoun, rsr}@gist.ac.kr, **cwan@evolution.re.kr

Multicast Routing Algorithm based on Genetic Algorithm with Bandwidth and End-to-end Delay constraints

*Sanghoun Oh, **ChangWook Ahn, *R.S. Ramakrishna
*GwangJu Institute of Science and Technology (GIST),
**Samsung Advanced Institute of Technology (SAIT).

요 약

본 논문에서는 Quality of Service 제약조건을 만족하는 다중 경로 라우팅 알고리즘을 제안하고자 한다. 제안된 알고리즘의 목적은 하나의 목적지로부터 다중 목적지들까지 최단경로를 나타내는 트리를 구성하는 것이다. 제안된 알고리즘의 염색체들은 두 가지 제약 조건 (bandwidth 와 end-to-end delay)을 만족하는 경로를 트리 구조를 이용하여 나타낸다. 그리고, 제안된 fitness function 은 tree cost 를 구하도록 설계한다. 제안된 알고리즘은 새로운 진화 연산자들을 제시한다. 제안된 교배 기법과 돌연변이 기법의 상호 동작은 제안 알고리즘이 개체군의 다양성을 유지하면서 해-표면(solution-surface)을 효과적으로 탐색할 수 있도록 하여 해의 최적성 (optimality) 및 수렴(convergence) 속도의 향상을 도모한다. 마지막으로, 복구함수를 통하여 교배 연산을 통하여 생성되는 부적합한 염색체를 복구한다. 실험 결과를 통하여 제안 알고리즘이 비교된 다른 알고리즘 보다 탐색 경로에 대한 최적성 및 수렴 성능에서 더 우수한 성능을 가짐을 알 수 있다.

I. 서론

인터넷, Mash Network, 또는 Mobil Ad-hoc Network 와 같은 다중-홉 네트워크에서는 출발지로부터 다중 도착지들 간의 최적 경로를 탐색하는 라우팅 알고리즘은 시스템의 지연 및 수율 성능을 직접적으로 결정하는 매우 중요한 기술 요소이다. 이러한 다중 경로 라우팅 알고리즘은 현재 네트워크들의 통신에 있어 아주 중요한 사안으로 대두되고 있다. 또한, 다중 경로 라우팅 알고리즘은 Quality of Service 을 만족하여야 한다. 이러한 서비스는 video broadcasting, multimedia teleconference, and massive mailing 등과 같은 서비스에 사용되고 있다 [1-6].

본 논문에서 제안하고자 하는 문제는 가장 작은 트리 값을 갖는 다중 경로 라우팅 트리를 찾는 것이다. 즉, 본 논문에서 제안된 문제는 graph theory 에서 Steiner tree problem 또는 NP Complete 문제로 정의된다. 하지만, 본 논문에서는 2 가지의 Quality of Service 제약 조건을 이용하여 최소 비용을 가지는 다중 경로 트리를 찾고자 한다. 위에서 제시된 Quality of Service 제약 조건은 bandwidth 와 end-to-end delay 을 사용한다 [2-6, 9].

본 논문에서 제안된 다중 경로 라우팅 알고리즘은 하나의 출발지 지점으로부터 다중의 목적지들까지 데이터 전송이 필요한 네트워크 토폴로지를 바탕으로 한다. 기존에 제안된 라우팅 알고리즘들은 위에서 제시한 문제에 적합한 유전자 표현방법에 있어 모든 가능한 트리 경로를 구성함으로써 알고리즘의 성능 저하의 요인이 되고 있다. 그러므로, 본 논문에서는 출발지 기반의 트리 구조를 이용하여 제안된 알고리즘의 유전자를 부호화하고자 한다. 즉, 본 논문에서의 유전자는 출발지 기반의 트리 구조를 이용하여 부호화된다. 그리고, 이렇게 부호화된 유전자들에 효율적인 유전 연산자 (i.e., 재생산, 교배, 돌연변이, 복구함수)을 설계한다. 먼저 교배 연산자는 부분 경로를 교환 하는 간단한 수행 절차를 통하여 실행 된다. 그리고, 기존의 교배 연산은 위치에 의존성을 가지고 있지만, 제안된 알고리즘에서는 위치의 의존성 없이 교배 연산을 실행한다. 또한, 기존의 돌연변이 연산은 염색체의 한 부분만을 임의로 선택하여 바꾸어주는 방식을 사용하였다. 그러나, 제안된 알고리즘의 돌연변이 연산은 염색체 상의 한 부분 경로를 무작위로 선택한 후에, 선택된 부분 경로를 새로운 부분 경로로 대처하는 방법을 사용한다. 또한, 복구함수를 제시함으로써 돌연변이 연산을 통하여 생성되는 부적합한 경로 즉, 루프를 제거하는 연산 또한 설계한다 마지막 연산인 재생산 연산은 Charles Robert Darwin 의 적자 생존 이론을 기반으로 우수한 염색체를 다음 세대로 전달하는 것이다. 즉, 우수한 염색체를 기반으로 유전자 집합을 재구성하는 것이다. 또한, 제안된 알고리즘은 tournament-selection 방법을 사용하여 재생산 과정을 수행한다. 마지막으로 본 논문에서 제시된 적합도 함수는 Quality of Service 를 만족하기 위하여 bandwidth 와 end-to-end delay 제약 조건을 만족하는 최소 비용의 tree cost 를 구하도록 설계한다.

본 논문에서는 그래프로 구성된 네트워크 토폴로지를 연산에 용이한 트리로 재구성한다. 즉, 출발지 ID 번호를 트리의 루트로 정의하고 각각의 목적지 노드들을 트리의 단말 노드로 정의하는 트리를 구성하는 것이다. 제안된