

논문 2009-46TC-2-4

# 진보된 유전자 알고리즘 이용하여 센서 네트워크의 에너지 소모를 최소화하는 클러스터링 기법

( A Clustering Technique to Minimize Energy Consumption of Sensor networks by using Enhanced Genetic Algorithm )

서 현 식\*, 오 세 진\*, 이 채 우\*\*

( Hyun-Sik Seo, Se-Jin Oh, and Chae-Woo Lee )

## 요 약

센서 네트워크를 구성하는 센서 노드들은 제한된 배터리 용량을 가지고 있으며 한번 배치되면 추가적인 에너지 공급이 어렵기 때문에 노드의 소비 전력을 최소화하기 위한 연구가 중요하다. 많은 연구 중 클러스터링 기법은 센서 네트워크에서 에너지 소비를 줄이기 위한 효과적인 기법중의 하나로 각광 받아왔다. 하지만, 클러스터링 기법은 클러스터의 수와 크기, 데이터 전송에 참여하는 노드 간의 거리 등에 따라 에너지 절감 효과가 달라진다. 따라서 이러한 요인들을 최적화해야 클러스터링에 의한 에너지 절감 효과를 최대화할 수 있다. 본 연구에서는 확률적 최적해 탐색 기법인 유전자 알고리즘을 사용하여 센서 노드의 에너지 소비를 줄일 수 있는 최적의 클러스터를 찾는 것을 목적으로 한다. 유전자 알고리즘은 클러스터를 구성할 수 있는 수많은 경우의 수 중에서 최적의 클러스터를 찾기 위해 진화의 과정을 거쳐 탐색을 수행한다. 따라서 진화 과정이 없는 LEACH와 같은 클러스터링 알고리즘보다 효과적일 수 있다. 본 연구에서 제안하는 2차원 염색체 유전자 알고리즘은 염색체 내에 존재하는 각 노드에게 고유한 위치정보를 부여함으로써 기존 유전자 알고리즘보다 효율적인 유전자 진화를 수행할 수 있다. 그 결과, 센서 네트워크의 수명을 최대화 할 수 있는 최적의 클러스터를 빠르고 효과적으로 찾을 수 있다.

## Abstract

Sensor nodes forming a sensor network have limited energy capacity such as small batteries and when these nodes are placed in a specific field, it is important to research minimizing sensor nodes' energy consumption because of difficulty in supplying additional energy for the sensor nodes. Clustering has been in the limelight as one of efficient techniques to reduce sensor nodes' energy consumption in sensor networks. However, energy saving results can vary greatly depending on election of cluster heads, the number and size of clusters and the distance among the sensor nodes. This research has an aim to find the optimal set of clusters which can reduce sensor nodes' energy consumption. We use a Genetic Algorithm (GA), a stochastic search technique used in computing, to find optimal solutions. GA performs searching through evolution processes to find optimal clusters in terms of energy efficiency. Our results show that GA is more efficient than LEACH which is a clustering algorithm without evolution processes. The two-dimensional GA (2D-GA) proposed in this research can perform more efficient gene evolution than one-dimensional GA (1D-GA) by giving unique location information to each node existing in chromosomes. As a result, the 2D-GA can find rapidly and effectively optimal clusters to maximize lifetime of the sensor networks.

**Keywords :** Sensor network, Genetic Algorithm, Clustering, Energy efficiency

## I. 서 론

\* 학생회원, \*\* 정회원, 아주대학교 전자공학과

(Department of Electronic Eng., Ajou University)

※ 본 연구는 지식경제부 및 정보통신연구진흥원의 대학 IT연구센터 지원사업의 연구결과로 수행되었음

IITA-2009-C1090-0902-0014(2009년도 사업)

접수일자: 2008년5월27일, 수정완료일: 2009년2월17일

무선 센서 네트워크는 소형 장치 안에 마이크로프로세서, 센서, 액추에이터, 유·무선 통신 장치를 내장하는 초소형 센서들로 구성된 적응형 네트워크이다. 이는

생태 환경 모니터링, 군사 지역 감시, 재고 조사, 인체 상태 관련 정보 수집 및 분석<sup>[1~2]</sup> 등과 같은 전문적이고 다양한 분야뿐만 아니라 미래의 유비쿼터스 컴퓨팅, 차세대 이동통신, 지능형 교통 시스템 및 홈 네트워킹 등의 구축에 필수적인 기반 기술이다.

이러한 센서 네트워크는 기존의 인프라 기반 네트워크 혹은 애드혹 네트워크와 유사한 구조의 네트워크 토폴로지를 구성하지만 제한된 메모리 용량 및 CPU 처리 능력과 같은 하드웨어적 측면이 기존의 무선 네트워크 환경에 사용되는 노드와 많은 차이가 있다. 특히 센서 네트워크를 구성하는 센서 노드들은 제한된 용량의 배터리로 동작하기 때문에 초기 필드에 배치되면 배터리 교체가 어려울 뿐만 아니라 추가적인 에너지 공급이 어렵다. 또한 하나의 센서라도 배터리를 모두 소모하면 네트워크의 연결이 단절되어 데이터 전송의 신뢰성을 보장받지 못할 수 있다. 따라서 센서 네트워크에서는 노드들의 에너지 소비를 최소화하고, 네트워크의 수명을 최대화할 수 있는 연구가 중요하다<sup>[3~6]</sup>.

센서 네트워크에서 에너지 소비를 줄이기 위한 많은 연구들 중에서 클러스터링 기법은 에너지 소비를 줄이기 위한 효과적인 기법중의 하나로 각광 받아왔다. 클러스터링 기법은 필드에 분포된 다수의 센서 노드들 가운데 센서들을 대표하는 노드를 선출하여 주위의 센서 노드로부터 데이터를 집약한 후 싱크노드(Sink node)로 전송하는 것을 말한다. 클러스터링 기법 중 대표적인 프로토콜로 LEACH (Low Energy Adaptive Clustering Hierarchy)<sup>[3]</sup>를 들 수 있다. LEACH를 사용하는 센서 네트워크는 여러 개의 클러스터로 구성되며, 각 클러스터 내에는 클러스터 헤드라는 상위 계층의 노드와 일반 센서 노드인 클러스터 멤버로 구성된다. LEACH는 노드 간의 에너지 소모를 균등하게 하기 위해서 확률 기반으로 노드 간 균등한 횟수로 클러스터 헤드를 선정한다. 클러스터 헤드는 멤버 노드에게 TDMA 스케줄을 작성하여 알려주고, 멤버 노드들의 데이터를 수신 받아 데이터 병합 후 싱크노드에 전송하는 역할을 수행하며, 멤버 노드들은 클러스터 형성 후 단순히 자신의 타임 슬롯 동안에 감지된 데이터를 클러스터 헤드에게 전송하는 역할만을 한다.

일반적으로 네트워크 안에서 클러스터를 구성할 수 있는 경우의 수는 무수히 많이 존재한다. 이렇게 많은 경우의 수 중에서 진화 과정이 없는 클러스터링 알고리즘을 이용하여 원하는 조건을 만족시키는 네트워크를

찾는 것은 매우 어려운 일이다. 이런 조건에서 유전자 알고리즘은 큰 효과를 발휘 한다. 유전자 알고리즘은 복잡한 문제의 영역에서 진화 과정을 이용한 탐색을 통해 최적의 해를 도출하는 방법이다. 또한 유전자 알고리즘은 네트워크의 클러스터링에 적용되어 센서 네트워크 수명을 최대화 하기 위한 최적의 클러스터를 찾는 데 효과적으로 이용될 수 있다<sup>[7~9]</sup>. 클러스터를 구성할 때 유전자 알고리즘이 기존의 LEACH와 같은 알고리즘보다 효과적인 이유는 네트워크에 존재하는 수많은 경우의 수 중에서 최적의 클러스터를 찾기 위해 탐색을 해 나갈 때 진화가 일어나기 때문이다. 유전자 알고리즘에서 진화 과정은 현재까지의 최적정보를 기억한 상태에서 더 적합한 해의 영역으로 탐색을 수행하는 것을 말한다.

본 논문에서는 기존의 1 차원 염색체를 사용하는 유전자 알고리즘 (1D-GA : 1 Dimension Genetic Algorithm)<sup>[10~12]</sup>보다 발전된 형태인 2차원 염색체를 사용하여 적은 탐색으로도 빠르게 에너지 효율적인 최적의 클러스터를 찾을 수 있는 알고리즘(2D-GA : 2 Dimension Genetic Algorithm)을 제안한다. 클러스터를 구성할 때 노드들의 위치 정보는 얼마나 많은 클러스터 헤드가 센서 노드들 사이의 어떤 위치에 분포되어 있느냐를 나타내기 때문에 매우 중요하다. 기존의 1 차원 유전자 알고리즘은 염색체가 노드들의 위치 정보를 반영하지 않고 단순히 노드가 속하는 클러스터 혹은 노드의 종류를 나타냈기 때문에 유전자 알고리즘의 진화과정이 효과적이지 못했다<sup>[10~13]</sup>. 하지만 본 논문에서 제안하는 2D-GA는 염색체내에 각 노드의 고유 위치정보를 반영함으로써 유전자의 효율적인 진화를 수행할 수 있다. 따라서 유전자 알고리즘의 진화 과정인 교배(Crossover)와 돌연변이(Mutation) 연산 시, 각 노드가 가진 위치정보를 활용함으로써 빠르고 효과적으로 센서 네트워크의 알맞은 최적의 클러스터를 찾아갈 수 있다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. II장에서 유전자 알고리즘과 유전자 알고리즘을 이용한 기존의 클러스터링 기법들에 대해 살펴보고, III장에서는 제안하는 2D-GA를 설명한다. IV장에서는 LEACH, 1D-GA 그리고 제안하는 2D-GA의 성능을 평가한 결과를 살펴본다. 마지막으로 V장에서는 결론 및 향후 연구로 본 논문을 마무리한다.

## II. 관련 연구

### 1. 유전자 알고리즘 (Genetic Algorithm)

유전자 알고리즘은 자연세계의 진화과정을 모방하여 복잡한 현실세계의 문제를 해결하고자 하는 진화 알고리즘의 대표적인 예이다. 현실세계의 문제를 풀기 위해 잠재적인 해들을 염색체(혹은 개체)로 나타내고, 여러 개의 염색체들을 모아 염색체 군을 형성한 뒤, 세대 (generation)를 거듭하면서 이들의 유전 정보를 서로 교환 하거나 새로운 유전 정보를 부여하면서 모의 진화를 시킴으로써, 주어진 문제에 대한 최적의 해를 찾는다. 유전자 알고리즘은 구조가 간단하고 방법이 일반적이어서 이동 로봇 제어, 신경망의 합성 및 학습, 유·무선통신망 최적화 등 다양한 분야에서 사용된다.

유전자 알고리즘의 기본적인 동작의 흐름은 그림 1 와 같이 크게 초기 집단 생성, 적합도 평가 및 유전자 선택(Selection), 교배(Crossover) 연산, 돌연변이 (Mutation) 연산, 최적 유전자 갱신, 종료조건 검사로 나눌 수 있다.

첫 번째, 초기 집단 생성과정은 임의의 염색체를 갖는 개체 N개를 생성하여 초기 세대 개체군(Initial generation population group)을 설정한다.

두 번째, 적합도 평가 및 유전자 선택과정에서는 생성된 각 개체들의 적합도를 계산한 후 적합도에 따라 두 개의 개체 (Parents)를 선택한다. 개체를 선택하는 방법에는 룰렛 선택 (Roulette selection), 기대치 선택 (Expected-value selection), 순위 선택 (Ranking selection), 토너먼트 선택 (Tournament selection) 등이 있다.

세 번째, 교배 연산과정에서는 두 번째 과정에서 선택된 개체 사이에서 임의로 2개의 개체 (Parents)를 선택하여, 임의로 방법으로 유전자를 교환함으로써 새로운 2개의 개체 (Offsprings)를 생성하는 유전자 연산 방법이다. 교배 연산과정은 유전자 알고리즘에서 가장 중요한 역할을 완수하는 유전자 연산이라 할 수 있다. 교배의 연산방법에는 1점 교배, 다점 교배, 균일 교배, 부분 일치 교배, 순서 교배 등이 있다. 그림 2는 1점 교배 (one-point crossover)의 한 예를 보여준다.

네 번째, 돌연변이 연산과정은 염색체 상의 임의의 유전자 값을 다른 대립 유전자로 치환함으로써 교차만으로는 생성할 수 없는 자손을 생성하여 개체군의 다양성을 유지하는 유전자 연산이다. 그림 3은 염색체의 네

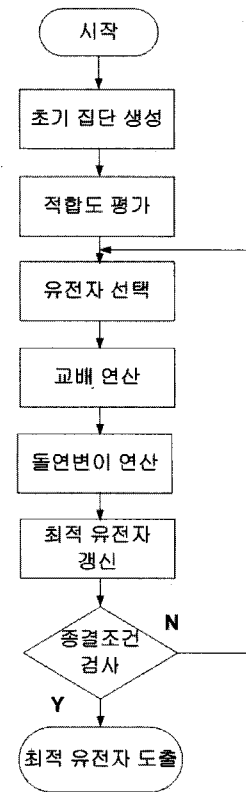


그림 1. 유전자 알고리즘의 기본적인 동작 흐름  
Fig. 1. A flow chart of genetic algorithm.

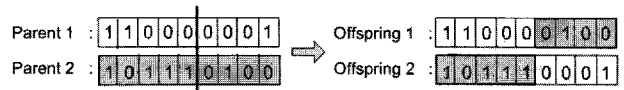


그림 2. 1점 교배(one-point crossover) 연산의 예  
Fig. 2. An example of one-point crossover operation.

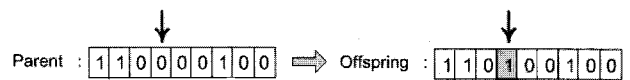


그림 3. 돌연변이(Mutation) 연산의 예  
Fig. 3. An example of mutation operation.

번째 유전자에서 돌연변이가 발생한 예를 보여준다.

다섯 번째, 최적 유전자 갱신 과정은 교배 연산과 돌연변이 연산을 거친 개체들 중에서 적합도를 평가하여 가장 질이 좋은 유전자 개체(Best Chromosome)를 기억하는 과정이다.

여섯 번째, 종결 조건 검사 과정은 종결 조건을 만족하면 최종적으로 최적 유전자를 도출해 내고 그렇지 않으면 두 번째 과정으로 돌아가 다시 유전자 연산 과정을 거쳐 최적의 유전자를 찾아간다. 종결 조건의 예를 들어보면, 개체군 내의 최대 적합도가 미리 설정된 특정 적합도를 초과하는 경우, 개체군 전체의 평균 적합도가 미리 설정된 특정 적합도를 초과하는 경우, 세대

의 횡수가 미리 설정한 횡수를 초과하는 경우 등을 들 수 있다.

### 2. 유전자 알고리즘을 이용한 기존의 클러스터링 기법들

센서 네트워크에서 유전자 알고리즘을 이용하여 에너지 효율적으로 클러스터링을 하는 연구는 활발하게 이루어지고 있다. 클러스터링에 유전자 알고리즘을 적용할 때 염색체가 네트워크의 어떤 요소(ex. 노드의 종류, 클러스터, 링크 등)를 표현하는가 하는 것은 매우 중요하다. 왜냐하면 유전자 알고리즘에서 진화 연산의 재료가 되는 염색체의 구성 즉, 유전자의 표현에 따라 성능이 달라지기 때문이다. 이번 절에서는 지금까지의 유전자 알고리즘을 사용한 클러스터링의 연구에 대하여 설명한다.

Rahul Khanna는 센서 노드의 종류를 염색체에 반영한 유전자 알고리즘을 제안했다<sup>[10]</sup>. 그림 4-(a)에서 볼 수 있는 것처럼, 각 노드의 유전자 표현을 위해 한 노드 당 3 bit의 2진수를 할당하였고 노드의 종류를 4가지(000: Node Inactive, 001: Node chosen as CH, 010: Node chosen as Inter-Cluster Router, 100: Node chosen as Sensor)로 구분하여 염색체를 표현한다. 각 노드는 무작위로 종류가 결정된다. 각 센서 노드들은 클러스터 헤드(CH : Cluster Head)가 브로드캐스트하는 신호를 감지함으로써 클러스터 헤드까지의 전송에 필요한 에너지를 계산하고, 가장 적은 전송 에너지를 소비하는 클러스터 헤드를 찾아서 자신이 속하게 될 클러스터를 결정한다. 이렇게 구성된 염색체는 진화 연산을 거치며 최적의 클러스터를 구성해 나간다. 네트워크의 적합도는 한 클러스터 안의 평균 센서 노드 수, 각 노드가 측정하는 노드간 정보 전송 에너지로 계산된다.

Sajid는 필드에 배치된 각 센서노드들에게 1 bit의 2진수 (1 혹은 0)를 할당하여 염색체를 표현하는 유전자 알고리즘을 제안했다<sup>[11]</sup>. 싱크노드는 필드에 배치된 센서 노드들 중에서 무작위로 클러스터 헤드를 선출한다. 그 후 싱크노드는 클러스터를 형성하기 위하여 클러스터 멤버(CM : Cluster Member)를 가장 가까운 거리에 위치해 있는 클러스터 헤드로 배치시킨다. 클러스터 형성 후 염색체를 만들기 위해 각 노드들을 유전자로 판단하여 그림 4-(b)와 같이 클러스터 헤드는 '1', 클러스터 멤버는 '0'으로 각각 표현한다. 여기서 클러스터 멤버와 클러스터 헤드, 클러스터 헤드와 싱크노드 간의

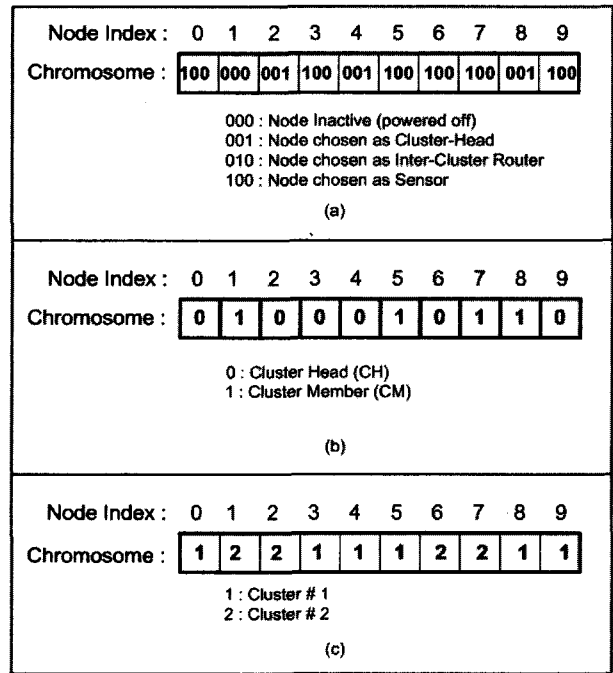


그림 4. 기존의 유전자 표현 및 염색체 구성 방법  
Fig. 4. Legacy genetic expressions and chromosome configuration.

거리 및 소비되는 에너지로 각 염색체의 적합도를 평가한다. 각 세대마다 진화연산을 거치고 적합도를 판단하여 에너지 효율적인 최적의 클러스터를 찾는다.

Walees는 각 클러스터에 고유한 번호를 부여하고 클러스터를 구성하는 노드들에게 해당 클러스터에게 부여된 동일한 번호를 할당하여 염색체를 표현하는 유전자 알고리즘을 제안했다<sup>[11]</sup>. Walees가 제안하는 알고리즘은 다중 홉 (Multihop) 환경의 센서 네트워크에 게이트웨이(Gateway)를 최적으로 배치하여 데이터 전송 지연을 최소화하는 것을 목표로 한다. 여기에서 게이트웨이란 클러스터를 구성하는 클러스터 멤버들로부터 데이터를 수집하여 싱크노드로 전달하는 일종의 클러스터 헤드이다. 각 클러스터는 다중 홉 환경으로 구성되어 있기 때문에 각 클러스터 멤버들이 클러스터 헤드로 데이터를 전송할 때 원거리에서 직접 전송하는 것보다 에너지 소비를 줄일 수 있다. 그림 5-(c)는 클러스터의 번호를 이용하여 염색체를 이용한 한 예를 나타낸다. 그림 5-(c)에서 보이는 바와 같이 클러스터 1은 클러스터 멤버 (3, 4, 5, 8, 9)들과 게이트웨이 0을 포함하고, 클러스터 2는 클러스터 멤버 (2, 6, 7)들과 게이트웨이 1을 포함한다. 이렇게 염색체로 표현된 클러스터들은 정해진 진화 연산과정을 통하여 홉 수 및 에너지 소비를 최소화시키는 최적의 클러스터를 찾아간다.

앞에서 살펴본 연구에서 유전자들은 이미 정해진 위치의 각 노드에 대해서 말하고 있을 뿐 각 노드의 위치에 대한 정보는 가지고 있지 않다. 하지만 클러스터를 구성하는데 있어서 클러스터 헤드의 수와 노드 위치의 위치 정보는 매우 중요하다. 이것은 네트워크 전체의 수명과 직결되는 문제이기 때문이다. 각 센서 노드의 위치 관점에서 기존의 1D-GA를 클러스터링 기법에 적용하면 많은 한계가 있다. 그림 4에 나타나 있는 염색체들이 교배, 돌연변이 연산을 거치면 각 노드가 속하는 클러스터와 노드의 종류가 변하게 된다. 하지만 이러한 변화는 노드의 위치를 고려하지 않은 연산으로써 효율적인 진화를 이루지 못한다. 본 논문에서 제안하는 2D-GA는 2차원의 염색체를 사용하여 염색체에 노드의 위치정보를 반영함으로써 이런 단점을 해결한다. 다음장에서 2D-GA의 유전자 표현 방법과 세부 동작 과정에 대해 자세히 설명한다.

### III. 제안하는 알고리즘

이번 장에서는 센서 네트워크의 에너지 효율적인 클러스터링을 위한 2D-GA를 설명한다. 2D-GA의 2차원 염색체에는 노드들의 위치정보가 포함되어 있기 때문에 노드간의 지리적 인접성을 고려한 연산을 수행할 수 있다. 이것은 앞에서 설명했듯이 기존의 1D-GA가 클러스터링에 적용될 때의 취약한 진화과정을 강력하게 변화시킴으로써 효율적으로 최적의 네트워크를 찾는다. 이번 장에서는 2D-GA에서 노드의 위치정보 반영 방법 및 진화연산 과정에 대해서 설명한다.

#### 1. 제안하는 알고리즘의 동작

일정 필드에 임의로 배치된 노드들은 2D-GA를 통하여 클러스터 헤드와 클러스터 멤버로 구분되어 클러스터를 구성한다. 각 노드는 자신과 가장 가까운 클러스터 헤드를 탐색하여 자신이 속하는 클러스터를 알게 되고 해당 클러스터 헤드에 수집한 정보를 전송한다. 클러스터 헤드로 정해진 노드들은 주위의 멤버 노드들이 전송한 정보를 수집하여 미리 정해진 위치의 싱크노드로 보낸다. 2D-GA는 필드에 임의로 배치된 노드들을 적절하게 클러스터 멤버와 클러스터 헤드로 구분하여 에너지 효율적인 클러스터링 방법을 찾는다. 본 논문에서 모든 노드들은 이동성이 없는 안정한 상태이고 데이터 전송 과정에서 주변 노드의 간섭이나 전송

실패 없이 싱크노드로 수집한 정보를 보낼 수 있다고 가정한다.

2D-GA의 연산 순서는 기존의 1D-GA와 같지만 2차원 염색체를 사용하기 때문에 유전적 표현법과 유전자 연산(교배, 돌연변이) 방법에서 차이를 보인다. 다음절에서는 2차원 염색체를 사용하기 위한 유전자 표현법과 유전자 연산 방법에 대하여 설명한다.

#### 2. 유전자 표현

유전자 표현은 유전자 탐색 공간에서 후보 해를 나타내는 자료의 구조를 의미한다. 정해진 크기의 필드에 무작위로 배치된 노드들을 유전적으로 표현하기 위하여 필드를 일정한 크기의 격자로 나눈다. 각 격자 안에는 오직 한개의 노드만 위치할 수 있고 각 노드의 구체적인 좌표는 임의로 정해진다. 그림 5와 같이 0은 격자 안에 노드가 없는 것을 의미하고, 1은 클러스터 멤버, 2는 클러스터 헤드가 있다는 것을 의미한다. 따라서 2차원으로 구성된 염색체는 각 노드의 지리적 위치를 그대로 반영한다. 이후에 노드의 위치와 관계하여 진화 연산을 수행함으로써 에너지 소비에 효율적인 최적의 클러스터를 가진 네트워크를 찾아간다.

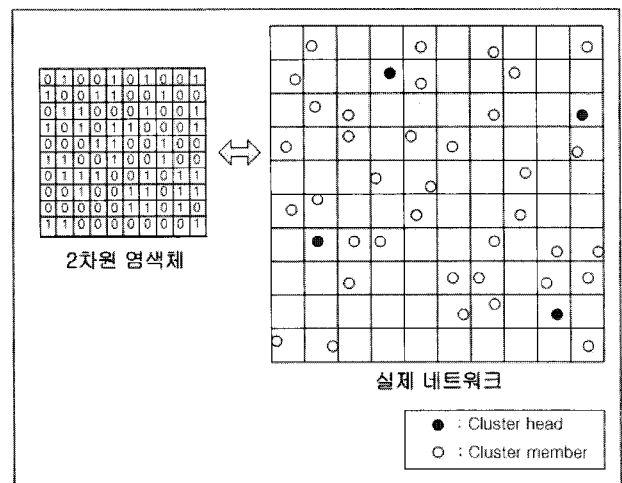


그림 5. 2차원 염색체의 유전적 표현

Fig. 5. An genetic expression of 2 dimensional chromosome.

#### 3. 초기 염색체 (Initial population)

클러스터 단위로 구성되어 있는 센서 네트워크에서 클러스터 헤드가 전체 노드의 5%를 차지할 때, 에너지 소비 관점에서 최적이라고 알려져 있다<sup>[3]</sup>. 본 논문에서는 LEACH에서 사용되는 최적의 클러스터 헤드 선출

확률을 적용하여 초기 염색체를 구성한다. 따라서 무작위로 클러스터 헤드를 선정할 때 보다 에너지 소모가 적고 질이 좋은 염색체를 탐색해 나갈 수 있다.

4. 비용 함수 (Cost function)

최적의 센서 네트워크는 각 센서 노드의 에너지 소모를 최소화하여 전체 네트워크 수명을 증가시킴으로써 장시간 동작할 수 있는 네트워크라 할 수 있다. 본 논문에서는 비용 함수 (Cost Function)를 통해 얻어진 비용 (Cost)값으로 센서 네트워크의 적합도를 판단한다. 데이터를 전송하는데 소요되는 비용은 노드가 소비하는 전력으로 생각할 수 있으며, 각 노드의 소비전력은 각 노드 간에 데이터가 전송되는 거리의 제곱에 비례한다. 데이터가 전송되는 과정을 크게 두 부분으로 나누어 비용을 계산할 수 있다. 그림 6에서 데이터 전송 경로를 살펴보면, 첫째, 데이터가 각 클러스터 멤버로부터 해당 클러스터 헤드로 전송되는 부분 (①번), 둘째, 클러스터 헤드에서 싱크노드로 전송되는 부분 (②번)으로 나눌 수 있고, ①번과 ②번의 데이터 전송 거리는 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$\text{Distance ①} = \text{Dis}(CH \sim CM) \tag{1}$$

$$\text{Distance ②} = \text{Dis}(CH \sim BS) \tag{2}$$

소비 전력은 거리의 제곱에 비례하므로 거리 정보인 수식 1, 2를 이용하여 비용 C를 표현하면 다음의 수식 3과 같다. 네트워크의 비용이 작을수록 더욱 최적에 가까운 네트워크라고 말할 수 있다.

$$C_{net} = \sum_i \sum_j d_{CH(i,j)}^2 + \sum_i d_{SN(i)}^2 \tag{3}$$

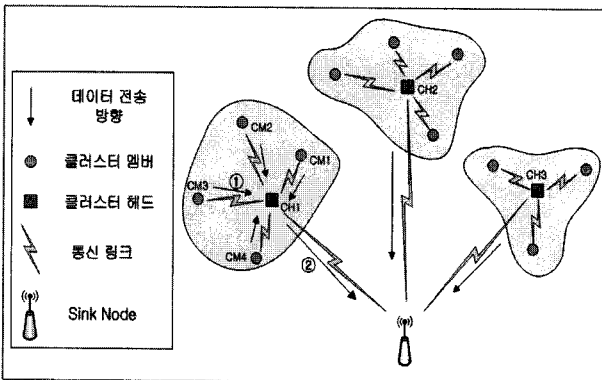


그림 6. 클러스터 기반 네트워크의 정보 전달  
Fig. 6. Data delivery of cluster based network.

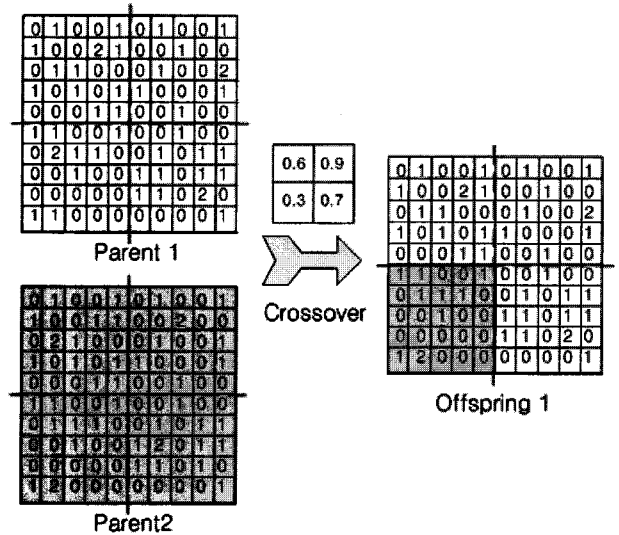


그림 7. 제안하는 교배(Crossover) 연산의 예  
Fig. 7. An example of proposed crossover operation.

$i$ 는 클러스터 헤드의 번호를 의미하고,  $j$ 는, 클러스터 헤드  $i$ 에 속하는 클러스터 멤버의 번호를 의미한다. 비용 함수도 데이터가 전송되는 과정과 마찬가지로 클러스터 멤버에서 헤드까지와 관련되어 있는 부분과 클러스터 헤드에서 싱크노드까지와 관련되어 있는 두 부분으로 나누어 생각할 수 있다. 함수를 구성하는 두 부분은 클러스터의 개수에 따라 서로 tradeoff관계에 있다. 네트워크에서 클러스터 헤드의 개수가 너무 적으면 하나의 클러스터 헤드가 다수의 멤버 노드로부터 정보를 수집해야 하기 때문에 비용 함수를 구성하는 첫 번째 부분의 값이 증가하게 된다. 이와는 반대로 클러스터 헤드의 개수가 지나치게 많으면 많은 클러스터 헤드가 싱크노드로 정보를 보내야 하기 때문에 비용 함수의 두 번째 구성요소의 값이 지나치게 커질 수 있다. 따라서 전력 소모를 최소화 할 수 있는 즉, 비용이 적은 네트워크를 구성하기 위해서는 적절한 클러스터의 수를 찾는 것이 중요하다. 비용 함수를 통해 계산된 비용은 선택 (Selection)연산 과정에서와 현 세대의 최적 유전자를 판단할 때 기준값으로 사용된다.

5. 선택 (Selection)

선택은 본격적인 진화 연산 (교배, 돌연변이)에 앞서 세대의 평균 질을 높이기 위해 사용된다. 본 논문에서는 순위 선택법과 엘리티스트 선택법을 혼합하여 사용한다. 보편적으로 사용되는 룰렛 선택법 대신 순위 선택법을 사용하는 이유는 룰렛 선택법은 비용 값에 비례하여 염색체를 선택하기 때문에 비용의 편차가 크지 않

은 경우, 염색체의 질에 따른 차별성 있는 선택이 이루어지기 어렵기 때문이다. 순위 선택법은 후보 염색체들을 비용에 따라 정렬한 후 순위를 매기고, 정해진 순위에 비례하여 염색체를 선택하기 때문에 룰렛 선택법 보다 좋은 염색체가 뽑힐 확률이 높다. 엘리티스트 선택법은 가장 좋은 비용을 가진 염색체를 유지하기 위해 사용된다.

6. 교배 (Crossover)

교배는 주어진 염색체 안에서 더 향상된 조합을 찾기 위해서 사용된다. 기존의 1차원 염색체의 교배에서는 두 염색체를 비트단위로 비교하여 연산하였기 때문에 노드의 위치에 대한 고려 없이 유전자가 교환, 생성되었다. 본 논문에서 제안하는 교배는 염색체가 가지고 있는 노드의 위치 정보를 이용하기 위하여 섹터(sector) 단위로 연산이 이루어진다. 따라서 염색체안의 유전자들은 주변에 위치한 유전자와 함께 이동하기 때문에 좋은 유전자 정보를 유지한 상태로 새로운 염색체를 만들 수 있다. 다음은 교배의 세부과정을 설명한다. 부모 염색체들은 정해진 섹터로 나누어지고 각 섹터 별로 부모 염색체 중에 하나를 선택하여 새로운 자식 염색체의 해당 섹터를 만든다. 동일한 방법으로 나머지 섹터를 선택하여 하나의 자식 염색체를 만든다. 그림 7은 교배 연산의 예를 보여준다. 가로10×세로10=100개의 유전자를 가진 부모 염색체 1, 2를 가정하여 각각4섹터로 나눈다. 4섹터의 교배 연산을 위해 4개의 난수 0.6, 0.9, 0.3, 0.7를 발생시킨다. 0.5보다 낮은 0.3 부분만 부모 염색체 2(Parent 2)의 정보를 가져오고 나머지 부분은 부모 염색체 1 (Parent 1)의 유전자를 가져온다. 다른 자식 염색체 (Offspring 2)도 동일한 방법으로 생성한다.

7. 돌연변이 (Mutation)

돌연변이는 교배 연산의 한계를 극복하기 위해 임의로 유전자를 변형시킴으로써 네트워크를 탐색하는 과정이다. 본 논문에서의 돌연변이 연산은 극히 작은 확률로 임의의 클러스터 멤버와 클러스터 헤드를 각각 클러스터 헤드와 클러스터 멤버로 변형시킴으로써 최적의 염색체를 탐색하게 된다. 그림 8은 염색체의 일부를 나타낸 것으로 돌연변이 연산의 예를 보여준다. 돌연변이 연산을 거치면서 한 개의 클러스터 헤드와 클러스터 멤버가 각각 클러스터 멤버와 클러스터 헤드로 변형되었다. 본 논문에서는 돌연변이 연산 후 클러스터 헤드가

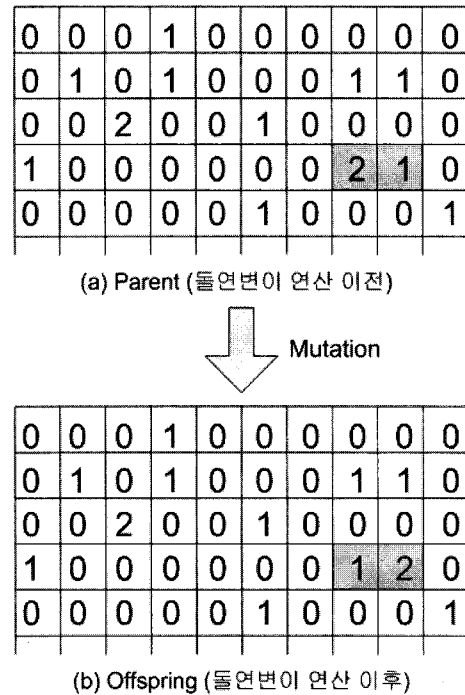


그림 8. 제안하는 돌연변이(Mutation) 연산의 예  
Fig. 8. An example of proposed mutation operation.

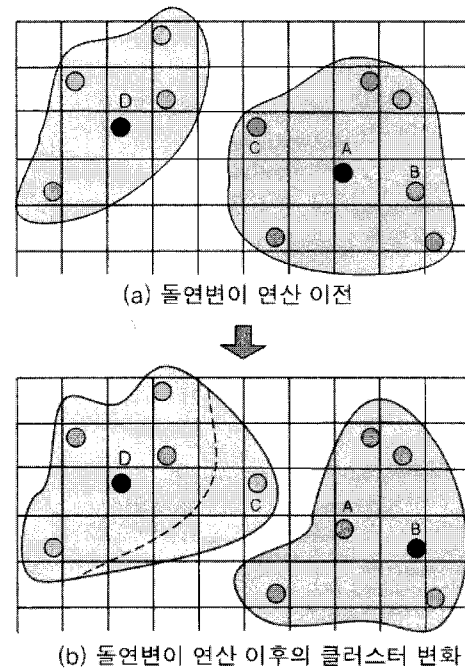


그림 9. 돌연변이 연산 이후 클러스터 재구성  
Fig. 9. Clustering reconfiguration after mutation.

비정상적으로 늘어나는 경우를 방지하기 위하여 클러스터 멤버가 헤드로 변이하는 확률을 클러스터 헤드가 멤버로 변이하는 확률보다 낮게 적용한다.

돌연변이 연산과 교배 연산 과정에서는 클러스터 헤드의 위치가 변할 수 있기 때문에 연산 후 클러스터 재

구성이 이루어져야 한다. 그림 9는 그림 8에서 수행된 돌연변이 연산 후 클러스터의 변화를 보여준다. 9-(b)처럼 노드 C는 가장 가까운 클러스터 헤드를 재탐색하여 클러스터 헤드 D의 클러스터에 속하게 된다.

#### IV. 성능 평가

이번 장에서는 본 논문에서 제안한 2D-GA와 기존에 제안된 알고리즘(LEACH, 1D-GA)과의 시뮬레이션을 통해 측정된 네트워크의 비용을 비교하여 성능을 분석한다.

##### 1. 시뮬레이션 환경

시뮬레이션을 수행하기 위하여 표 1에서와 같이 좌표 (x=0, y=0)과 (x=150, y=150) 사이의 필드를 150 × 150 m<sup>2</sup>의 크기로 가정하고 225개의 노드를 분포시킨다. 노

표 1. 시뮬레이션 파라미터  
Table 1. Simulation parameters.

Parameter	
필드 사이즈	150 × 150 m <sup>2</sup>
격자의 크기	5 × 5m <sup>2</sup>
노드 개수	225개
싱크노드 위치	(0, 0)
돌연변이 발생확률	10%

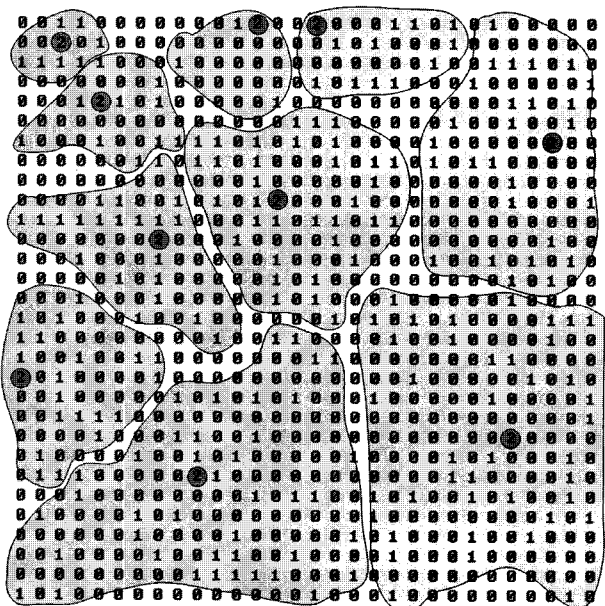


그림 10. 염색체의 클러스터 구성 예  
Fig. 10. An example of chromosome's cluster configuration.

드를 필드내의 임의의 좌표에 배치하되, 센서 노드의 최소 파워레벨에 해당하는 범위(약 7미터)를 고려하여 5 × 5m<sup>2</sup> 격자 안에 오직 하나의 노드만 위치하도록 한다. 필드에 30 × 30 = 900개의 격자가 만들어 지고 하나의 격자는 염색체 내의 하나의 유전자를 나타낸다. 따라서 염색체의 크기는 격자의 개수와 동일하게 30 × 30 이다. 교배 연산은 염색체를 6 × 6 크기의 격자 25 개 즉, 25개의 섹터로 나누어 수행된다.

전체 노드들 중 클러스터 헤드로 뽑힐 확률은 실험의 목적에 따라 다르게 설정하였다.

그림 10은 필드의 노드들을 유전자로 표현하여 클러스터를 구성한 예이다. 노드들은 염색체에 반영되어있는 위치정보를 이용하여 자신과 가장 가까운 클러스터 헤드를 찾아내고 클러스터를 형성한다.

##### 2. 시뮬레이션 결과 분석

본 논문에서 제안하는 2D-GA의 성능을 증명하기 위하여 LEACH, 1D-GA와 비용 측면에서 비교·분석하였다. 그림 11은 LEACH에서 클러스터 헤드 선출 확률을 증가시키며 따라 비용 값의 변화를 나타내는 그래프이다. 그래프에서 볼 수 있는 것처럼 5%의 확률로 클러스터 헤드를 선출할 때 가장 비용이 적은 즉, 가장 적합하게 클러스터를 구성한 네트워크를 얻을 수 있다. LEACH에서 가장 낮은 비용을 갖는 클러스터 헤드 선출 확률은 주어진 필드의 노드 밀도와 밀접하게 관련되어 있다. 만약 동일한 필드에 더 많은 노드를 배치시켜서 노드 밀도를 증가시키면 5%보다 적은 비율의 클러스터 헤드로 각 클러스터를 구성하는 것이 비용 측면에서 더 효율적이다. 본 논문에서는 표 1에서 보인 것처럼

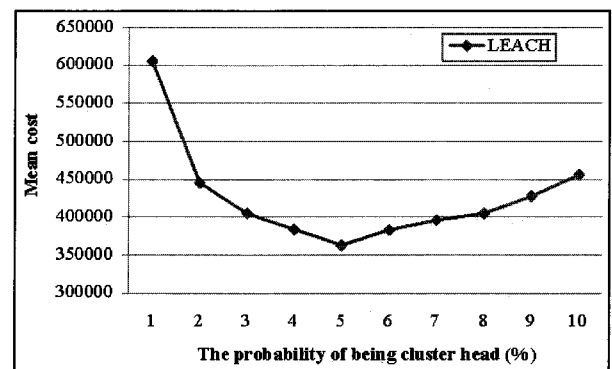


그림 11. 클러스터 헤드 선출 확률에 따른 LEACH의 평균 Cost  
Fig. 11. Mean costs of LEACH according to cluster head election probabilities.



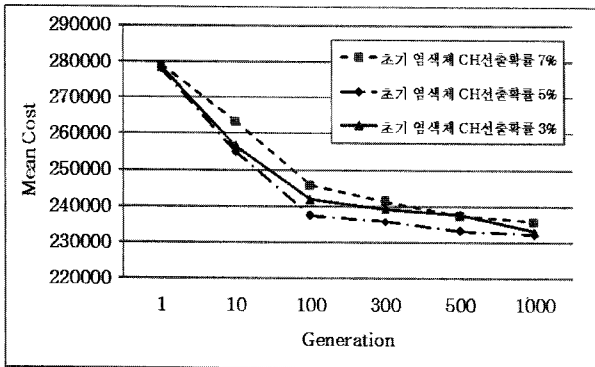


그림 12. 클러스터 헤드 선출 확률에 따른 2D-GA의 평균 Cost

Fig. 12. Mean costs of 2D-GA according to cluster head election probabilities.

럼  $150 \times 150 \text{ m}^2$  크기의 필드에 225개 노드가 존재하는 환경에서 성능을 평가한다.

LEACH에서 우수한 성능을 보였던 3%, 5%, 7%의 클러스터 헤드 선출 확률을 2D-GA의 초기 탐색체 생성에 적용시켰을 때 그림 12의 그래프를 얻는다. 세가지 경우 모두 세대를 거듭할수록 비용이 낮은 최적의 네트워크를 찾아가지만 성능의 차이를 보인다. 클러스터 헤드 선출 확률이 3%, 7%의 경우 5%일 때 보다 최소 비용의 네트워크를 찾는데 상대적으로 오래 걸린다. 그 이유는 그림 11에서 확인했던 것처럼 클러스터 헤드를 3% 혹은 7%로 선출하여 만든 탐색체가 5%의 경우보다 비용이 높기 때문이다. 평균적으로 비용이 높은 초기 탐색체군에서 비용이 낮은 탐색체를 찾아가야 하기 때문에 그만큼 시간이 오래 걸리는 것이다. 결과적으로 LEACH에서 최적의 결과를 보였던 클러스터 헤드 선출 확률 5%를 2D-GA에 적용 했을 때, 가장 좋은 성능을 발휘하여 가장 적은 세대에 최적의 네트워크를 찾는다.

그림 13은 2D-GA를 LEACH, 1D-GA와 비용 측면에서 성능 평가한 그래프이다. 그림 11에 나타난 그래프는 LEACH와 두 유전자 알고리즘(1D-GA, 2D-GA) 모두 LEACH에서 최적인 클러스터 헤드 선출 확률 5%를 적용하여 구성한 네트워크의 비용을 나타낸다. 그림 13의 그래프에서 볼 수 있듯이 두 유전자 알고리즘은 세대를 거듭할수록 비용이 더 낮은 탐색체를 찾아가지만, LEACH의 경우에는 진화 연산 과정이 없기 때문에 세대를 거듭할지라도 처음과 동일한 값에 머물러 있다. 더군다나 이 값은 두 유전자 알고리즘의 비용보다 훨씬 크다. 또한 1D-GA와 비교할 때 2D-GA는 보다 빠르게 비용이 낮은 최적의 네트워크를 찾아가는다. 두 유전자

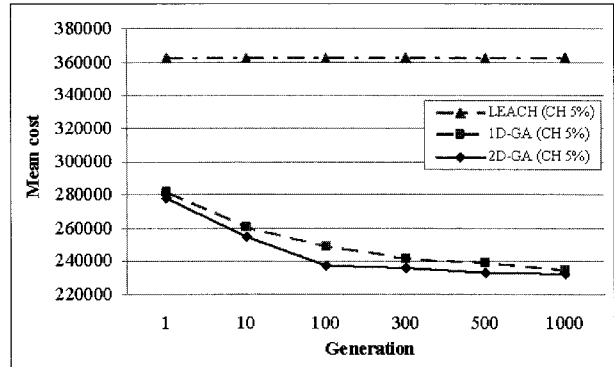


그림 13. LEACH, 1D-GA, 2D-GA에서의 네트워크 평균 Cost

Fig. 13. Mean costs of LEACH, 1D-GA and 2D-GA with same cluster head election probability.

알고리즘은 1000세대가 지났을 때 동일하게 대략 233,000의 비용을 갖는 네트워크를 찾는다. 그러나 2D-GA는 100세대가 지났을 때 이미 1000세대 후의 최적 비용 233,000에 근사하게 접근하는데 반해, 1D-GA는 비용이 250,000인 네트워크를 찾는데 그친다. 결과적으로 2D-GA를 사용할 때 기존의 유전자 알고리즘에서 보다 적은 탐색으로도 빠르게 최적의 클러스터를 갖는 네트워크를 찾을 수 있다.

본 시뮬레이션의 시나리오에서는 센서 노드의 이동성은 고려하지 않았지만 고정된 센서 네트워크에서 제안된 2D-GA를 사용함으로써 적은 탐색으로도 에너지 소비가 적은 클러스터들을 구성할 수 있다는데 의의가 있다.

## V. 결론 및 향후 연구

본 논문에서는 센서 네트워크를 구성하는 센서 노드들의 에너지 소모를 최소화하는 클러스터링을 찾기 위하여 진화된 유전자 알고리즘을 제안하였다. 클러스터 기반의 센서 네트워크에서는 클러스터 헤드의 수와 위치에 따라 노드들이 소모하는 에너지가 달라진다. 이것은 네트워크 전체의 수명과 직결되는 문제이기 때문에 각 노드의 에너지 소비를 최소화 시킬 수 있는 클러스터를 구성하는 것은 매우 중요하다. 본 논문에서 제안한 2D-GA는 탐색체에 각 노드의 고유한 위치정보를 반영함으로써 유전자의 효율적인 진화를 수행할 수 있다. 따라서 유전자 알고리즘에서 진화 과정인 교배와 돌연변이 연산을 수행할 때, 각 노드가 가진 위치정보를 활용함으로써 효과적으로 센서 네트워크의 에너지

소비를 최소화할 수 있는 최적의 클러스터를 찾을 수 있다. 더불어 시뮬레이션을 통하여 기존 알고리즘 (LEACH, ID-GA)보다 제안하는 알고리즘의 성능이 우수하다는 것을 증명하였다.

본 논문에서는 네트워크의 적합도를 판단하기 위하여 데이터가 전송되는 노드간의 거리 정보만을 이용하였다. 하지만 실제 노드들의 에너지 소비량은 센서 노드의 분포 장소, 전송하는 데이터의 크기, 클러스터 크기에 따른 클러스터 헤드의 에너지 소모차이 등과 관련되어 달라질 것이다. 이런 점을 반영한다면 좀 더 실질적으로 효율적인 클러스터를 구성할 수 있을 것이다.

### 참 고 문 헌

- [1] IF Akyildiz, W. Su, Y. Sankarasubramaniam, E. Cayirci, "A survey on Sensor networks" Communications Magazine, IEEE, Aug. 2002.
- [2] H. Karl, A. Willig, "A short survey of wireless sensor networks" TKN Technical Report TCK-03-018, Oct. 2003.
- [3] W. Heinzelman, A. Chandrakasan and H. Balakrishnan, "Energy-efficient communication protocol for wireless microsensor networks", in Preceding of the 33rd Annual Hawaii International Conference on System Sciences, pp.3005-3014, Jan. 2000.
- [4] W. Heinzelman, A. Chandrakasan and H. Balakrishnan, "An Application-specific Protocol Architecture for Wireless Microsensor Networks" IEEE Transactions on Wireless Communications, Vol. 1, No. 4, pp. 660-670, 2002.
- [5] Y. Chang, Z. Lin and J. Chen, "Cluster based self-organization management protocols for wireless sensor networks" IEEE Transactions on Consumer Electronics, Vol. 52, No. 1, pp. 75-80, February 2006.
- [6] V. Mhatre, C. Rosenberg, R. Mazurndar and N. Shroff, "A Minimum Cost heterogeneous sensor network with a lifetime constraint" IEEE Transactions on Mobile Computing, Vol. 4, No. 1, pp. 4-15, January 2005.
- [7] C. C. Lai, C.K. Ting, R. S. Ko, "An Effective Genetic Algorithm to Improve Wireless Sensor Network Lifetime for Large-Scale Surveillance Applications", IEEE CEC'07, pp.3531-3538, Sept. 2007.
- [8] O. Islam, S. Hussain, H. Zhang, "Genetic Algorithm for Data Aggregation Trees in Wireless Sensor Networks", IEEE IE'07, pp.312-316, Sept. 2007.
- [9] B. Dengiz, F. Altiparmak, and A.E. Smith, "Local Search Genetic Algorithm for Optimal Design of Reliable Networks" IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Vol. 1, No. 3, September 1997.
- [10] R. Khanna, H. Liu, and H.H. Chen, "Self-Organization of Sensor Networks Using Genetic Algorithm", IEEE ICC' 06, pp.3377-3382, June 2006.
- [11] S. Hussain, A.W. Matin, O. Islam, "Genetic Algorithm for Energy Efficient Clusters in Wireless Sensor Networks", IEEE ITNG'07, pp.147-154, April 2007.
- [12] W. Youssef, M. Younis, "Intelligent Gateways Placement for Reduced Data Latency in Wireless Sensor Networks", IEEE ICC'07, pp.3805-3810, June 2007.
- [13] R. Khanna, H. Liu, and H.H. Chen, "Dynamic Optimization of Secure Mobile Sensor Networks: A Genetic Algorithm", IEEE ICC' 07, pp. 3413-3418, June 2007.

저 자 소 개



서 현 식(학생회원)  
 2008년 아주대학교 전자공학과  
 학사 졸업.  
 2008년 3월~현재 아주대학교  
 전자공학과 석사 과정.  
 <주관심분야 : Sensor Network,  
 RFID, Genetic Algorithm>



오 세 진(학생회원)  
 2006년 아주대학교 전자공학과  
 학사 졸업.  
 2008년 아주대학교 전자공학과  
 석사 졸업.  
 2008년~현재 LG전자 단말연구소  
 연구원.

<주관심분야 : 무선 센서네트워크, Ad-hoc  
 network, WLAN>



이 채 우(정회원)  
 1985년 서울대학교 제어계측  
 학사 졸업.  
 1988년 한국과학기술원  
 전자공학과 석사 졸업.  
 1995년 University of Iowa 박사  
 졸업

1985년 1월~1985년 12월 (주)금성통신 연구원.  
 1988년 9월~1999년 3월 한국통신 선임연구원.  
 1999년 3월~2001년 9월 Lucent Technologies  
 Korea 이사.  
 2001년 9월~2002년 2월 한양대학교 겸임교수.  
 2002년 3월~현재 아주대학교 전자공학과  
 부교수.

<주관심분야 : 광대역 통신망, Ubiquitous  
 networking, Traffic Engineering>