

무선 센서 망에서 생체 유전자 조절 네트워크를 모방한 분산적 노드 스케줄링 기법 설계

변희정[°]

Design of Distributed Node Scheduling Scheme Inspired by Gene Regulatory Networks for Wireless Sensor Networks

Heejung Byun[°]

요약

최근 생물학적으로 영감을 받은 모델링 기술은 단순한 현장 상호작용과 제한된 정보와 함께 이들의 강인성과 확장성, 적응성에 대해 상당한 관심을 받고 있다. 이러한 모델링 기술들 중, 유전자 조절 네트워크(Gene Regulatory Networks)(GRNs)은 세포로부터 생물학적 유기체의 발생과 자연 진화에 대한 이해에서 핵심적인 역할을 하고 있다. 본 논문은 GRN 원리를 무선 센서 네트워크 시스템에 적용하고 시간지연 요건을 충족하는 동시에 에너지 균형을 달성할 수 있는 분산화된 노드 스케줄링 설계 기법을 제안한다. 각 센서 노드는 소비된 에너지 수준과 지연시간에 반응하여 자동으로 자신의 상태를 스케줄링하며, 이는 GRN 모델에서 영감을 받은 유전자 발현과 단백질 농도 조절 모델에 의해 제어된다. 시뮬레이션 결과는 제안된 방법이 에너지 균형뿐만 아니라 원하는 시간 지연에서 성능을 달성하고 있다는 점을 보여준다.

Key Words : wireless sensor networks, node scheduling, gene regulatory networks (GRNs)

ABSTRACT

Biologically inspired modeling techniques have received considerable attention for their robustness, scalability, and adaptability with simple local interactions and limited information. Among these modeling techniques, Gene Regulatory Networks (GRNs) play a central role in understanding natural evolution and the development of biological organisms from cells. In this paper, we apply GRN principles to the WSN system and propose a new GRN model for decentralized node scheduling design to achieve energy balancing while meeting delay requirements. Through this scheme, each sensor node schedules its state autonomously in response to gene expression and protein concentration, which are controlled by the proposed GRN-inspired node scheduling model. Simulation results indicate that the proposed scheme achieves superior performance with energy balancing as well as desirable delay compared with other well-known schemes.

1. 서론

무선센서 네트워크(WSN)은 환경감시와 목표추적,

침입 보안, 건강감시, 재해관리 및 복구와 같은 매우 다양한 응용분야에서 물리적 현상을 감지하고 감시할 수 있는 장치를 연결한다. WSN은 일반적으로 획득

※ 본 연구는 경기도의 경기도지역협력연구센터(GRRC) 사업의 일환으로 수행하였음. [(GRRC SUWON 2015-B4)]

° First and Corresponding Author : Suwon University Department of Information & Telecommun. Engineering, heejungbyun@suwon.ac.kr, 정희원

논문번호 : KICS2015-09-280, Received September 1, 2015; Revised October 21, 2015; Accepted October 21, 2015

데이터에 대한 네트워크 처리를 수행하고 이후 감시된 데이터를 다중 홉 경로를 통해 수신 장치로 전달하는 많은 수의 작은 센서 노드로 구성된다. 센서 노드는 일반적으로 배터리로 전원 공급을 받으며, 지리적인 공간을 담당하기 위해 설치된다. 기존의 WSN을 위한 매체접근제어(media access control) (MAC) 프로토콜은 주로 에너지 절감을 위해 설계되었다^{11,21}. 그러나 에너지 소비 절감은 추가적인 중단 간 시간 지연을 유발하며, 이는 WSN 시스템이 데이터 전달을 위한 중단 간 시간 지연 요건을 달성하기 어렵게 만든다³¹. 특별히 비상사태와 구조분야와 같이 시간지연에 민감한 응용분야는 응용분야에 특화된 기능과 성능 보장을 위해 필요하다. 또한 대규모의 WSN은 시스템의 각각의 독립체가 그 이웃과 지역적인 상호작용을 기반으로 의사결정을 할 수 있도록 높은 수준의 자가 구성 (self-organization) 능력이 요구 된다^{4,51}.

최근 많은 연구자들이 개별적인 단순성과 함께 시스템의 강인성을 보장하면서, 무선 네트워크에 대한 확장성과 적응성 문제를 다루는 생물학적으로 영감을 받은 설계 패러다임 연구에 집중하고 있다^{6,81}. 그 중 면역 체계와 곤충군집, 활성물질과 저해물질 체계, 세포 신호 전달 체계와 같은 생물학적 체계에서 유래한 개념과 원리가 WSN 시스템 설계에 적용되어 왔다. 이러한 접근법 중, 유전자/단백질과 이들 사이의 상호작용으로 표현되는 유전자 조절 네트워크(Gene Regulatory Network)(GRN)에 기반한 강인한 네트워크 설계 방법이 제안되었다^{9,101}. GRN과 WSN은 센서 노드와 유전자가 감지와 작동, 신호 전달과 같은 주요 기능을 수행하는 등의 유사점이 존재한다. 감지 단계에서, 유전자는 자신의 유전자 발현 수준을 결정하기 위해 환경 변수와 다른 유전자 상호작용에 의해 전달되는 신호를 통해 세포 내에서 단백질 수준을 감지한다. 그 다음, 작동 단계에서, 각 유전자는 네트워크의 다른 유전자들의 발현 수준을 조절하기 위해 활성 단백질이나 저해 단백질을 생성한다. 신호전달 단계에서, 유전자는 세포 내의 단백질 수준을 조절하기 위해 다른 유전자와 상호작용한다. 이러한 메카니즘을 이용하여, 강인성과 노드 고장에 대한 복원을 달성하기 위해 GRN 토폴로지를 이용하여 무선 센서 노드의 위치를 결정하는 방법이 제안되었다¹¹¹. 또한 WSN에서 최적 커버리지 범위 문제를 해결하기 위해 GRN 모델이 제안되었다¹²¹. 특히 GRN의 비선형 미분방정식 모델이 WSN에서 최대 커버리지 범위를 위해 필요한 최소한의 센서 수를 결정하기 위해 사용되었다. 또한 네트워크의 자동구성을 위해 GRN에서 유전자의 진화

과정을 모사하는 모델을 기반으로 한 비선형 미분방정식을 사용하였다¹³¹. [14]에서는 모든 센서에 각 센서의 데이터와 이웃 센서의 상황 및 공유된 정보를 기반으로 샘플링 속도를 조절할 수 있는 능력을 제공하는 임베디드 제어기를 제안하였다. [15]에서는 GRN에 영감을 얻은 제어기가 어떻게 수중 로봇 구성에 사용될 수 있었는지를 보여주었다. [16]에서는 고장에 내성을 갖는 WSN 경로배정을 달성하기 위한 GRN의 attractor 이론에 대한 이용을 제안했다.

하지만 GRN에 영감을 받은 접근법은 몇 가지 문제점을 갖고 있다. 먼저, 국지적인 상호작용에 대한 규칙은 지연시간에 민감한 응용분야에 대한 구체적인 원하는 성능을 만들어내도록 설계되지 않았다¹⁷¹. 또한 기존 GRN에 영감을 받은 네트워킹 알고리즘은 몇 가지 사전에 정의된 경험적 기법을 기반으로 하고 있으며, 따라서 역동적인 환경 하에서는 최적의 성능을 달성하기 어렵다. 이러한 문제를 다루기 위해, 본 논문에서는 WSN의 분산된 노드 스케줄링을 위한 새로운 GRN 모델을 제안하며, 이는 에너지 소비 수준과 응용분야에 특화된 성능 요건에 따라 노드 상태를 자동으로 스케줄링 하는 것을 목표로 한다. 본 논문에서 제안하는 주요 내용은 (1) GRN 체계를 이용한 노드 스케줄링 설계를 위한 이론적 모델을 개발하는 것, (2) 각 센서 노드는 제안한 GRN 모델로 제어되는 유전자 발현과 단백질 농도에 따라 자동으로 상태가 스케줄링 되는 것, 그리고 (3) 제안된 모델의 역할은 시스템 성능이 자동으로 노드 사이에서 에너지 소비 수준에 균형을 맞추면서 동시에 특정한 응용분야의 요건을 충족시킬 수 있도록 설계하는 것이다.

II. 유전자 조절 네트워크

유전자 조절 네트워크(Gene Regulatory Network) (GRN) 는 발현 수준에서 유전자와 유전자 상호작용에 대한 모델이다. 각각의 GRN은 자신들의 RNA를 통해 간접적으로 서로 상호작용을 하고, 세포 내에서 단백질과 다른 화학물질을 생산하는 DNA 분질의 집합이며, 그로 인해 네트워크 내의 유전자가 mRNA로 전사되는 속도를 조절한다. 유전자 조절은 유전자의 발현 수준을 조절하고 그 결과로 목표 단백질의 특정한 양을 만들어내는 전사와 해독으로 가장 잘 알려지고 이해되는 다수의 순차적인 과정에 대한 포괄적인 명칭이다. 따라서 유기체는 중심에 있는 제어기가 필요 없이 다수의 세포의 작용은 조절할 수 있다. 단백질은 세포 내의 유전자에 의해 만들어지며, 유전자는

시간에 따라 역동적 변하는 방식으로 단백질에 대한 추가 생산이나 억제를 조절한다. 단백질 생산을 통해 세포의 거동을 조절하는 이 기제는 GRN으로 불린다.

최근 연구에서는 신호전달에 대한 컴퓨터 모델링과 다양한 방식으로 유전자 네트워크의 발달에 관심이 집중되고 있다. 단세포의 경우, 자동 조절되는 유전자 발현은 다음과 같은 미분방정식으로 설명할 수 있다.

$$\frac{dg_i}{dt} = -\gamma_g g_i + \alpha_g f(p_i) \quad (1)$$

$$\frac{dp_i}{dt} = -\gamma_p p_i + \alpha_p g_i, \quad (2)$$

여기서 g_i 는 i 유전자의 발현 수준이며 (mRNA 생산 농도에 의해 측정됨) p_i 는 단백질 i 의 농도이다. γ_g 와 γ_p 는 각각 mRNA와 단백질 농도의 감소 비율이다. α_g 와 α_p 는 각각 mRNA와 단백질 농도의 합성 비율이다. $f(x)$ 는 다음과 같이 정의 될 수 있는 함수이다.

$$f(x) = \frac{\beta}{\vartheta^n + x^n}, \quad (3)$$

여기서 β 는 활성화 계수이며, ϑ 는 한계 값, n 은 Hill 계수이다. 식 (1)은 전사과정을 설명하고 있다. $f(x)$ 는 단백질의 농도에 대한 함수로서 i 유전자에 대한 단백질의 억제 활동을 나타낸다. 식 (2)는 번역 과정을 설명하고 있다. 자동으로 조절되는 모델은 하나의 유전자나 mRNA가 일반적으로 $f(x)$ 의 정의에서 표시된 전사과정에서 단백질에 의해 억제되는 것을 반영하고 있다. 다 세포 생물의 경우, 반드시 외부 인자와 다른 세포에 의해 확산되는 전사 인자, 세포 사이의 상호작용이 GRN 모델 내로 고려되어야 한다. [19]에서 세포 사이에서 전사 인자의 확산을 고려한 일반화된 GRN을 다음과 같이 제안하였다.

$$\frac{dx_{ij}}{dt} = -\gamma_i x_{ij} + \phi \left[\sum_{l=1}^{n_g} W^{jl} x_{il} + \theta_j \right] + D_j \nabla^2 x_{ij}, \quad (4)$$

여기에서 x_{ij} 는 i 번째 세포에서 j 번째 유전자 산물(단백질)의 농도를 나타낸다. 식 (4)의 우변 첫 번째 항은 γ_i 의 비율로 단백질의 분해를 나타내며, 두 번째 항은 x_{ij} 단백질의 생산을 구체적으로 설명하고 있으며, 마

지막 항은 확산율 D_j 을 가지는 확산 성분을 표현하고 있다. ϕ 은 단백질 생산에 대한 활성화 함수이며, 이는 다음의 함수로 정의된다.

$$\phi(z) = \frac{1}{1 + \exp(-\mu z)}. \quad (5)$$

유전자 사이의 상호작용은 행렬성분이 활성화나 억제 중 하나가 될 수 있는 상호작용 행렬 W_{ij} 로 설명된다. θ_j 는 유전자 발현 활성화에 대한 한계 값이다. n_g 는 유전자 산물의 수이다. 예를 들어 [20]에서는 여러 대의 로봇이 자동으로 사전에 정의된 모양으로 자신들을 구성하는 다중 로봇 시스템을 위해 분산된 GRN 기반 알고리즘이 제안되었다. 각 로봇의 운동 역학은 GRN 모델로 설명되며, 여기에서는 유형 G 의 2 가지 단백질의 농도가 각각 로봇의 x 와 y 위치를 나타내며, P 형 단백질의 농도는 다음과 같이 로봇의 내부 상태를 나타낸다.

$$\frac{dg_{i,x}}{dt} = -az_{i,x} + mp_{i,x} \quad (6)$$

$$\frac{dg_{i,y}}{dt} = -az_{i,y} + mp_{i,y} \quad (7)$$

$$\frac{dp_{i,x}}{dt} = -cp_{i,x} + kf(z_{i,x}) + bD_{i,x} \quad (8)$$

$$\frac{dp_{i,y}}{dt} = -cp_{i,y} + kf(z_{i,y}) + bD_{i,y}, \quad (9)$$

여기서 $i = 1, 2, \dots, n$ 이고 n 은 시스템 내의 전체 로봇(세포)의 수이다. $g_{i,x}$ 와 $g_{i,y}$ 는 각각 i 번째 로봇의 x 와 y 위치이며, 이는 두 가지 G 형 단백질의 농도에 연관되어 있다. $p_{i,x}$ 와 $p_{i,y}$ 는 2가지 P 형 단백질의 농도이며, 이는 각각 x 와 y 좌표에 따라 i 번째 로봇의 내부 상태를 나타낸다. $D_{i,x}$ 와 $D_{i,y}$ 는 i 번째 로봇과 그 이웃 사이 거리에 대한 합이다. 즉 이웃 세포로부터 확산된 G 형 단백질 농도의 합이다. 로봇이 이웃을 탐지하면, 이웃으로부터 방출되는 단백질을 받게 되며, 이는 충돌을 피하기 위해 이웃으로부터 스스로 떨어질 수 있다.

III. GRN 기반의 분산 노드 스케줄링

$$\bar{D}_i = d_i - d_r. \quad (11)$$

3.1 시스템 모델

N 개의 센서 노드로 구성된 WSN 시스템을 고려한다. $N = \{1, 2, \dots, N\}$ 는 WSN에서 노드의 집합을 나타낸다고 하자. 노드 i 의 이웃한 노드의 집합 ($1 \leq i \leq N$)은 $N_i (\subseteq N)$ 로 나타낸다. 본 논문에서 사용된 기호를 다음과 같이 나타내었다.

- g_i : 센서 노드 i 의 유전자(mRNA)의 발현 수준
- p_i : 유전자에 의해 만들어진 센서 노드 i 번째 단백질의 농도
- N_i : N_i 의 원소 개수
- E_i : 노드 i 의 초기 에너지와 소비되는 에너지의 비에 의해 정의되는 소비되는 에너지
- d_i : 노드 i 와 수신 노드 사이의 지연 시간
- d_r : 시간지연 요건
- D_i : 측정된 시간지연과 시간지연 요건 사이의 차이
- f_g^h : 저해 기능 함수
- f_p^a : 활성화 기능 함수

3.2 시스템 설계

각 유전자는 노드의 에너지 소비 수준과 단백질 농도를 기반으로 특정한 단백질을 만든다. 단백질은 유전자 발현과 응용분야 특유의 시간지연 요건, 다른 세포에서 확산되는 유전자 산물에 따라 만들어진다. 그리고 단백질은 이를 만들어낸 유전자의 발현을 조절한다. 또한 각 노드는 다른 센서 노드와의 에너지 불균형을 피하기 위해 이웃에 유전자 산물을 확산시킨다. 제안된 방식은 두 가지 목적을 위해 설계되었다. 하나는 확산을 통해 서로의 유전자 발현을 동등하게 하여 노드 사이의 에너지 소비 수준에 대한 균형을 유지하며, 나머지는 단백질 농도를 조절하여 응용분야의 시간지연 요건에 부합하는 것이다. 이를 위해, WSN의 분산된 노드 스케줄링에 대한 GRN의 시스템 역학을 다음과 같이 제안한다. 먼저 g 의 발현 수준을 센서 노드의 내부 상태로 p 의 수준을 노드 활성화 확률로서 나타낸다. 또한 소비된 에너지 수준과 응용분야 특유의 요건을 고려하기 위해, 다음의 정의를 도입 한다.

$$\bar{E}_i = \frac{E_i}{\sum_{j \in N_i} E_j / N_i} \quad (10)$$

WSN에 적용되는 새로운 GRN 모델을 다음과 같이 설계 한다:

$$\frac{dg_i}{dt} = -ag_i + \eta f_g^h(\bar{E}_i p_i) \quad (12)$$

$$\frac{dp_i}{dt} = -cp_i + \kappa f_p^a(\bar{D}_i g_i) + b \sum_{j \in N_i} (g_j - g_i), \quad (13)$$

여기서 a 와 c 는 각각 mRNA와 단백질 농도의 감소 비율이다. η 와 κ 는 각각 mRNA와 단백질 농도의 합성 비율이다. 함수 f_g^h 와 f_p^a 는 다음과 같이 정의한다.

$$f_g^h(x) = e^{-x} \quad (14)$$

$$f_p^a(x) = \frac{1 - e^{-x}}{1 + e^{-x}}. \quad (15)$$

식 (12)의 유전자 발현 g 는 WSN에서 노드의 국지적인 환경 상태를 나타낸다. 노드의 유전자 발현 수준은 소비된 에너지 수준과 단백질 농도에 의해 결정된다. 한 노드의 소비된 에너지 수준이 이웃의 평균보다 크거나 단백질 농도가 증가한다면, 유전자 수준은 더 작아지게 된다. 식 (13)의 단백질의 농도는 유전자 발현 수준과 외부 인자 즉 응용분야의 시간지연 요건과 다른 노드로부터 확산되는 전사 인자에 의해 결정된다. 측정된 시간지연이 시간지연 요건 보다 크거나 유전자 발현 수준이 모든 이웃의 평균보다 클 경우, 단백질 농도가 증가한다. 식 (13)의 마지막 항은 이웃하고 있는 노드에서 확산되는 g 의 농도의 합으로 구체적으로 명시되며, 이는 노드의 에너지 소비의 균형을 유지하는 것이 목적이다. 조절 모델에서 확산 항은 다세포 체계에서 세포 간 신호 전달을 모사한 것이다.

각 센서 노드가 단백질 농도를 결정할 경우, $[0, 1]$ 내에서 균일한 분포를 따르는 난수 값 ω 를 생성한다. 각 노드는 난수를 독립적으로 생성된다. 단백질 농도가 ω 보다 적다면, 노드는 비활성화(sleep) 모드로 들어간다. 반면, 단백질 농도가 ω 보다 크다면, 노드는 센싱 회로를 작동시켜 활성화(activated) 된다. 요약하면, 유전자 발현 g_i 와 단백질 농도 p_i 는 양이나 음의 피드백을 통해 서로를 조절한다.

측정된 시간지연이 시간지연 요구사항을 초과할 경우, 단백질 농도가 증가하며, 이는 더 높은 활성화 확률로 이어진다. 즉 빈번한 패킷 전송과 함께 시간지연을 갖는 시간지연 감소를 야기한다. 그 동안 늘어난 단백질 농도는 늘어난 에너지 소비에 의해 야기되는 국소적인 환경의 질을 악화시키기 때문에 유전자 발현을 억제한다. 억제된 유전자는 다시 단백질 농도를 조절하며, 이는 비활성화 시간의 증가와 에너지 절감 효과를 얻게 된다. 결과적으로, 줄어든 단백질 농도와 낮은 E 값은 유전자 발현을 촉진하며, 이 유전자는 다시 단백질 농도를 촉진한다. 이에 반해, 늘어난 단백질 농도와 높은 E 값은 유전자 발현을 억제하며, 비활성화 시간 증가와 함께 에너지 균형을 이루어준다. 이러한 서로의 상호작용을 통해, 제안된 방안은 사용된 에너지 수준과 측정된 시간 지연에 따라 유전자 발현과 단백질 농도를 조절하여, 각 노드의 상태를 통제한다. 제안된 방안은 유전자 발현과 단백질 농도, 시간지연 정보를 저장할 메모리가 필요 하다. 소스 노드가 패킷을 전송하면, 이는 전송 시간을 나타내는 타임-스탬프가 패킷에 포함된다. 매 제어 주기 마다, 수신 노드는 소스 노드에서 자기 자신까지의 패킷 시간 지연을 측정하고 시간지연 정보 즉 측정된 시간지연과 시간지연 요구사항 사이의 차이와 함께 패킷을 전송 처리한다. 각 노드는 시간 지연 정보를 저장하며, 시간지연 정보의 초기 값은 0이며, 매 제어 주기 마다 초기 값으로 리셋된다. 노드가 제어 주기 동안 패킷을 받으면, 노드는 이전에 저장된 시간 지연정보와 수신된 패킷의 시간지연 정보 사이에서 최대 값을 시간 지연 정보를 저장하여 갱신한다. 이후 노드는 패킷을 이웃에 자신의 유전자 발현 수준과 함께 패킷을 전달한다. 매번 제어 주기마다, 센서 노드는 시간지연 정보와 이웃 노드에서 확산되는 g 를 이용하여 식 (13)을 재계산하고 활성화 확률을 결정한다.

IV. 성능 평가

제안한 알고리즘의 성능을 평가하기 위해, MATLAB 시뮬레이터를 이용한 시뮬레이션 환경을 개발했다. 시뮬레이션 넓이는 100m X 100m 이며, 여기서는 전체 네트워크가 동일한 모양의 격자로 나누어지며, 센서노드는 균일하게 전개된다. 소스 노드는 1초당 1개의 패킷이라는 평균 패킷 도달 속도로 Poisson 분포를 갖는 패킷을 생성한다. 각 패킷은 100 바이트이며, 제어기 타임 슬롯 기간(τ)는 1초이다. 시뮬

표 1. 기본 파라미터
Table 1. Default parameters used in simulation

Parameter	value
area	100m * 100m
transmission range	20m
carrier sense range	40m
current consumption : Tx	17.4mA
current consumption: Rx	19.7mA
current consumption: mode switch	10.05mA
backoff time	30ms
a	0.1
η	0.1
c	0.1
κ	0.05

레이션에 사용한 기본 파라미터는 표 1에 정의하였다. 다양한 시간지연 요구사항에 따른 평균 성능을 평가하기 위해 [3s, 50s] 범위에서 시간지연 요구사항을 변동시켰다. 각각의 시간지연 요구사항의 경우, 1000 회의 시뮬레이션이 유전자 발현(G)와 단백질 농도(P), 활성화 노드 비율, 시간지연, 소비된 에너지 수준(E)에 대한 평균을 얻기 위해 사용되었으며, 따라서 그래프에서 각 점은 1000번 실행의 평균을 나타낸다. 제안된 방식의 효율성을 보기 위해, 제안된 알고리즘을 두 가지 기존 방식 즉 Qos-보장 듀티 사이클 제어 (Duty Cycle Control) (Q-DCC)^[3]와 GRN 기반 최적 적용범위 제어 (Optimal Coverage Control) (G-OCC)^[12]을 비교했다. Q-DCC 는 WSN을 위한 에너지 효율을 달성 하는 동시에 중단간 통신 시간지연을 보장하기 위해 듀티 사이클을 제어하는 방식이다. 이를 위해 Q-DCC는 중단간 시간지연 요구사항 문제를 단일 홉 시간지연 요구사항 문제의 집합으로 분해한다. 각 노드의 듀티 사이클은 단일 홉 시간지연 요구사항과 타임 스탬프를 사용하여 측정된 실제 패킷 시간지연을 기반으로 결정된다.

G-OCC는 컴퓨팅 패러다임으로 GRN을 도입하며, 센서 적용범위에 대한 효율을 보여준다. G-OCC는 전력 소비를 줄이기 위해 활성화 센서의 수를 가능한 낮게 유지하면서 가능한 최대 적용범위를 유지하기 위해 각 센서 노드에 ON이나 OFF 값을 지정한다. 센서 노드는 유전자 발현 수준에 상응하는 높은 값을 얻을 경우에 ON으로 바뀐다. 한계 값은 사전에 선택되며,

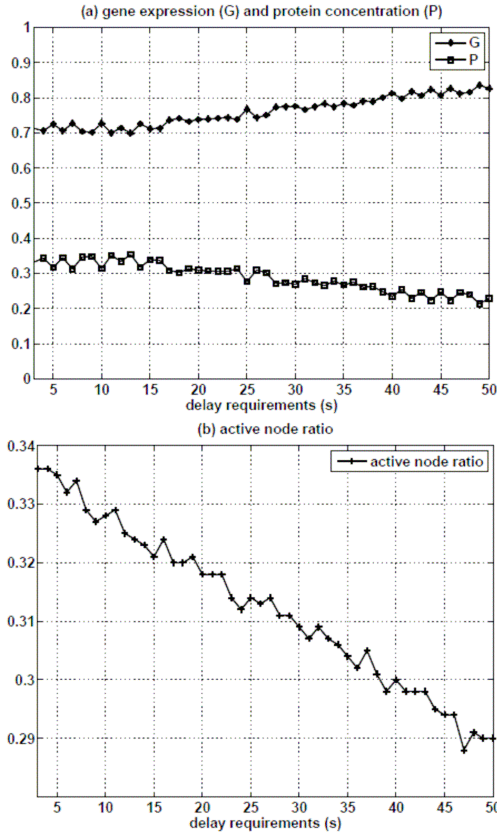


그림 1. 다양한 시간지연 요구사항에 따른 평균 성능: (a) 유전자 발현 (G), 단백질 농도(P)와 (b) 활성화 노드 비율
Fig. 1. Average performance varying delay requirements: (a) gene expression (G), protein concentration (P) and (b) active node ratio

유전자 발현에 상응하는 더 높은 값을 갖는 모든 센서가 ON으로 바뀔 수 있다.

그림 1은 다양한 시간지연 요구사항에 대한 유전자 발현(G)와 단백질 농도(P), 활성화 노드 비율 측면에서 제안된 방안의 평균 성능을 보여준다. 시간지연 요건이 여유로워 질수록, G 값은 증가하며, 이에 반해 단백질 농도는 감소한다. 이는 그림 1(b)에서 보이는 것처럼 활성화 모드 대신 슬립 모드로 들어가는 노드를 증가시킨다.

이에 반해 시간지연 요구사항이 엄격해질수록, 활성화 노드 비율이 P값에 따라 증가하며, 이는 시간지연 요구사항에 부합하기 위해 더욱 빈번한 패킷 전송으로 이어진다.

그림 2은 제안된 알고리즘과 Q-DCC, G-OCC의 평균 시간지연과 소비된 에너지 수준을 그림으로 설명하고 있다. 그림 2 (a)에서, 제안된 알고리즘과

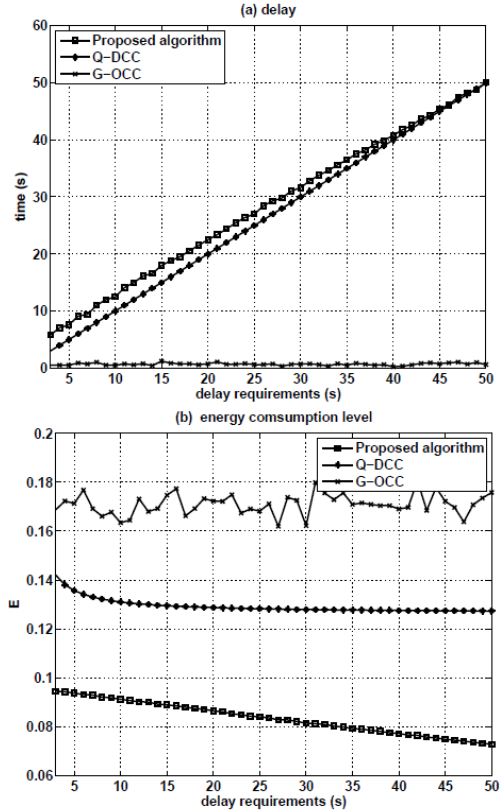


그림 2. 다양한 지연시간 요구사항에 대한 제안된 알고리즘과 Q-DCC^[3], G-OCC^[22]의 평균 성능: (a) 시간지연, (b) 에너지 소비 수준
Fig. 2. Average performance of the proposed algorithm, Q-DCC^[3], and G-OCC^[22] varying delay requirements: (a) delay and (b) energy consumption level.

Q-DCC가 원하는 요구조건에 따라 성공적으로 평균 지연시간을 제어함을 관찰하였다. 그러나 G-OCC는 다양한 지연시간 요구사항에 개의치 않고 0에 근접한 평균 시간지연을 유지한다. 이는 그림 2(b)에서처럼 과도한 에너지 소비를 초래한다. Q-DCC는 G-OCC와 비교하여 낮은 에너지 소비를 보여주지만, 에너지 소비 수준은 다양한 시간지연 요구사항에도 불구하고 거의 일정하다. 이에 반해, 우리가 제안한 방식은 시간지연 요구사항에 부합하면서, 가장 적은 에너지 소비율을 달성하였다. 또한 시간지연 요구사항이 여유로워 질수록, 에너지 소비 수준은 감소하며, 이는 에너지를 절감시켜 준다. 이는 시간지연 요구사항이 여유로워 질수록 제안된 알고리즘이 많은 수의 노드를 활성화 모드 대신 슬립 모드로 들어가게 만들기 때문이며, 이는 G-OCC와 Q-DCC와 비교하여 훨씬 더 낮은 에너지 소모를 야기한다.

V. 결 론

본 논문은 성능 요구사항에 부합하며 동시에 에너지 균형을 달성할 수 있도록 GRN 모델을 기반으로 WSN을 위한 분산된 노드 스케줄링 방식을 제안하였다. 측정된 시간지연과 에너지 소비 수준을 고려하여, 제안된 방식은 센서 사이에서 에너지 균형을 달성하면서 시간지연 요구사항을 충족시키기 위해, 유전자의 발현 수준과 단백질의 농도를 조절한다. 기존의 다른 프로토콜과 비교하여, 제안된 방식의 주요 장점은 다음과 같다. (1) WSN 을 위한 분산화된 노드 스케줄링 모델로 생물학적 GRN 모델을 통합하는 새로운 방식을 제안하였다. 각각의 센서 노드는 조절된 유전자 발현과 단백질 농도에 따라 자동으로 그 상태를 스케줄링 한다. (2) 제안된 유전자 조절 역학에 의해 정의되는 각각의 노드의 분산된 거동이 시스템을 네트워크 조건 변화에 따라 에너지 소비 수준의 균형을 유지하며, 원하는 요구조건을 수행하도록 만든다.

향후, GRN에 영감을 얻은 제어기에 대한 연구를 계속할 것이며, 무선 센서 액추에이터 네트워크 (Wireless Sensor Actuator Networks) (WSANs)에 대한 성능 분석을 제공하고자 한다. 기존의 WSN과는 다르게, 센서와 액추에이터 노드는 데이터를 수집하고 전달하며, 신속하고 신뢰할 수 있게 감지된 모든 데이터에 행동을 취하기 위해 협력하여 작동해야 한다. GRN 모델을 기반으로 액추에이터 노드 사이의 에너지 소비를 분산시키고, 액추에이터 노드에 감지된 데이터를 신뢰성 있게 전송하는 방식을 연구하고자 한다.

References

[1] A. Bachir, M. Dohler, T. Watteyne, and K. K. Leung, "MAC essentials for wireless sensor networks," *IEEE Commun. Surveys & Tutorials*, vol. 12, no. 2, pp. 222-248, 2010.

[2] R. C. Luo and O. Chen, "Mobile sensor node deployment and asynchronous power management for wireless sensor networks," *IEEE Trans. Ind. Electron.*, vol. 59, no. 5, pp. 2377-2385, 2012.

[3] X. Wang, G. Xing, and Y. Yao, "Dynamic duty cycle control for end-to-end delay guarantees in wireless sensor networks," *IWQoS*, pp. 1-9, Beijing, China, Jun. 2010.

[4] F. Dressler and O. B. Akan, "A survey on bio-inspired networking," *Computer Netw.*, vol. 54, no. 6, pp. 881-900, 2010.

[5] T. Nakano, "Biologically inspired network systems: A review and future prospects," *IEEE Trans. Syst., Man, and Cybernetics - Part C: Appl. and Rev.*, vol. 41, no. 5, pp. 630-643, 2011.

[6] C. Charalambous and S. Cui, "A biologically inspired networking model for wireless sensor networks," *IEEE Netw.*, vol. 24, no. 3, pp. 6-13, 2010.

[7] K. Leibnitz and M. Murata, "Attractor selection and perturbation for robust networks in fluctuating environments," *IEEE Netw.*, vol. 24, no. 3, pp. 14-18, 2010.

[8] C. Cheng, C. K. Tse, and F. C. M. Lau, "A bio-inspired scheduling scheme for wireless sensor networks," *IEEE Veh. Technol. Conf.*, pp. 223-227, 2008.

[9] L. T. Macneil and A. J. Walhout, "Gene regulatory networks and the role of robustness and stochasticity in the control of gene expression," *Genome Res.*, vol. 21, pp. 645-657, 2011.

[10] R. J. Prill, P. A. Iglesias, and A. Levchenko, "Dynamic properties of network motifs contribute to biological network organization," *Public Library Sci. Biology*, vol. 3, no. 11, pp. 1881-1892, 2005.

[11] A. Nazi, M. Raj, M. D. Francesco, G. Preetan, and S. K. Das, "Robust deployment of wireless sensor networks using gene regulatory networks," *Distrib. Comput. and Netw., LNCS*, vol. 7730, pp. 192-207, 2013.

[12] S. Das, P. Koduru, X. Cai, S. Welch, and V. Sarangan, "The gene regulatory network: an application to optimal coverage in sensor networks," *10th Annu. Conf. Genetic and Evolutionary Computation*, pp. 1461-1468, 2008.

[13] A. Markham and N. Trigoni, "Discrete gene regulatory networks (dGRNs): a novel approach to configuring sensor networks," in *Proc. INFOCOM'10*, pp. 1-9, San Diego, CA,

Mar. 2010.

- [14] A. Markham and N. Trigoni, "The automatic evolution of distributed controller to configure sensor networks," *Oxford Computer J.*, vol. 54, no. 3, pp. 421-438, 2011.
- [15] T. Taylor, "A genetic regulatory network-inspired real-time controller for a group of underwater robots," in *Proc. 8th Conf. Intell. Autonomous Syst.*, vol. 8, 2004.
- [16] P. Ghosh, M. Mayo, V. Chaitankar, T. Habib, and S. Das, "Principles of genomic robustness inspire fault-tolerant WSN topologies: a network science based case study," *7th IEEE Int. Wkshps Sensor Netw. Syst. Pervasive Comput.*, pp. 160-165, Seattle, WA, Mar. 2011.
- [17] S. Nolfi and D. Floreano, *Evolutionary robotics: the biology, intelligence and technology of self-organizing machine*, MIT Press, 2000.
- [18] Y. Jin and B. Sendhoff, "Evolving in silico bistable and oscillatory dynamics for gene regulatory network motifs," *IEEE/CEC Congress on Evolutionary Computation*, pp. 386-391, Hong Kong, Jun. 2008.
- [19] E. Mojsness, D. H. Sharp, and J. Reinitz, "A connectionist model of development," *J. Theor. Biol.*, vol. 152, no. 4, pp. 429-453, Oct. 1991.
- [20] H. Guo, Y. Meng, and Y. Jin, "A cellular mechanism for multirobot construction via evolutionary multi-objective optimization of a gene regulatory network," *BioSystems*, vol. 98, no. 3, pp. 193-203, 2009.
- [21] Y. Jin, H. Guo, and Y. Meng, "Robustness analysis and failure recovery of a bio-inspired self-organizing multi-robot system," *The 3rd IEEE Int. Conf. Self-Adaptive and Self Organizing Syst.*, pp. 154-164, San Francisco, CA, Sept. 2009.

변희정 (Heejung Byun)



2005년 8월 : 한국과학기술원 전기 및 전자공학과 석/박사
 2010년 2월 : 삼성전자 DMC 연구소 책임연구원
 2010년 3월~현재 : 수원대학교 정보통신보통신공학과 조교수

<관심분야> 네트워크 제어, 이론적 성능 해석