홉제한이 있는 멀티캐스팅 알고리즘의 연구

이성근° 한치근
경희대학교 컴퓨터공학과 정보통신망알고리즘연구실
hightop@algorithms.khu.ac.kr°, cghan@khu.ac.kr

A Study for Multicasting Algorithm with Hop Limit

Sunggeun Han° ChiGeun Han
Dept. of Computer Engineering, Kyunghee Univ.

요 약

통신망의 발전으로 사용자는 새로운 인터넷 서비스를 요구하게 되었다. 이러한 서비스의 대부분은 멀티캐스팅을 사용하며, 전송되는 데이터는 대용량의 멀티미디어 데이터가 주를 이루고 있다. 멀티미디어 서비스는 일정한 수준의 서비스를 위하여 신뢰도를 보장해야만 한다. 신뢰도는 경로의 홉수와 관련되어 있다. 즉, 경로에 포함된 홉의 수가 많아지면 그 경로를 통한 서비스의 신뢰도는 떨어지게 된다. 이러한 이유로 전송에 관련된 경로의 홉수에 제한을 두는 것은 통신의 신뢰성을 위하여 고려되어져야하는 중요한 문제이다. 본 논문에서는 멀티캐스트 트리의 각 경로의 홉수와 비용의 관계를 알아보기 위해 유전자 알고리즘과 개미 알고리즘을 사용한다.

1. 서 론

새로운 인터넷 서비스들은 대부분 멀티캐스팅을 지원하는 멀티미디어 서비스들이며, 멀티캐스팅을 요구하는 서비스는 점차 증가하고 있다[1]. 멀티미디어 서비스는 서비스의 특성상 일정한 수준 이상의 QoS(Quality of Service)를 제공해야만 한다. 일정 수준 이상의 서비스를 위해 경로의 홉수는 중요한 요소가 된다. 다시 말해 경로에 포함된 링크의 수가 작을수록 서비스의 신뢰성은 높아진다. 만일 링크에 에러가 발생할 확률이 α인 경우, 경로가 k개의 링크를 지난다면, 에러없이 전송될 확률은 $(1-\alpha)^k$가 된다[2]. 그러므로 k의 수가 적을수록 경로에 에러가 발생할 확률은 낮아지게 되는 것이다. 멀티캐스팅은 멀티캐스트 트리를 생성하게 된다. 트리는 송신노드에서 각 수신노드까지의 경로들로 구성된다. 이 때 각 트리의 평균 홉수가 작을수록 트리의 신뢰도는 높아지게 되는 것이다. 멀티캐스팅문제는 스타이너트리(Steiner tree)문제와 동일시된다[3]. 스타이너트리문제는 NP-hard이다.

본 논문에서는 유전자 알고리즘과 개미 알고리즘을 이용하여 트리의 평균 홉수와 비용의 관계를 관찰하고, 두 알고리즘의 성능을 비교하는 것을 목적으로 한다.

2. 문제 정의

네트워크의 모델은 무향, 연결, 가중 그래프로서 $G=(V,E)$로 표현한다. V는 노드의 집합이고, E는 에지의 집합이다. (i,j)는 노드 i와 노드 j 사이의 에지를 나타낸다. (i,j)의 비용은 c_{ij}로 표현한다. $s \in V$는 송신노드를 표현하고, $D \subseteq V-\{s\}$는 수신노드들의 집합을 표현한다. 문제는 송신노드와 수신노드들을 포함하는 멀티캐스트 트리 중에서 비용과 평균 홉수가 최소인 멀티캐스트 트리(T)를 찾는 것이다.

3. 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 진화원칙을 기본으로 한 알고리즘으로 많은 최적화 문제에 적용되어 왔으며, 멀티캐스팅 문제에도 이미 적용되었다[4]. 유전자 알고리즘은 인코딩, 디코딩, 적합함수와 유전자 연산으로 구성된다[5].

3.1. 인코딩

인코딩은 멀티캐스트 트리를 염색체로 표현하는 부분이다. 염색체의 크기는 $|V|-(|D|+1)$이 된다. 만일 어떤 노드가 트리에 포함되면 노드를 표현하는 비트는 1이 되고, 그렇지 않으면 0이 된다.

3.2. 디코딩

염색체를 이용하여 멀티캐스트 트리를 구성하는 부분이다. 트리 구성을 위하여 에지를 선택할 때, 수정된 프림스 알고리즘을 이용한다. 의사코드는 다음과 같다.

```
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
```

3.3 적합함수

적합함수는 생성된 염색체가 문제의 결과로 얼마나 적합한지를 측정하는 목적함수이다. 본 논문에서는 트리의 비용과 평균 홉수를 동시에 고려하므로 다음과 같다.

$$TotalCost = \sum_{(i,j) \in T} c_{ij} + \beta \times Ave(H(v)),\ \forall v \in D$$

$$F(a) = \frac{\delta}{TotalCost}$$

이 수식에서 $F(a)$는 염색체 a의 적합도이다. $Ave(H(v))$는 트리에 속한 각 경로들의 평균 홉수이고, β는 비용에 비해 평균 홉수의 중요도를 나타낸다. δ는 상수 값이다.

3.4. 유전자 연산

유전자 연산은 교차연산, 돌연변이연산 그리고 보정연산으로 구성된다. 교차연산은 두 개의 부모 염색체로부터 두 개의 새로운 자식 염색체를 만들어내는 연산이다. 본 논문에서는 이점 교차연산을 사용한다. 돌연변이연산은 염색체 상의 유전자를 조작하여 새로운 염색체를 만들어 낸다. 그리고 보정연산은 염색체를 통하여 만들어진 멀티캐스트 트리에 송신노드와 수신노드들만 단말노드가 되게 하기 위해 염색체를 조작하는 연산자이다.

4. 개미 알고리즘

개미 알고리즘은 실제 개미의 군집생활에서 시각적인 정보 없이 페로몬(pheromone)이라는 화학물질만 이용하여 둥지에서 먹이까지 최단 경로를 찾는데 기초하여 만들어진 알고리즘으로 비교적 최근에 소개되었다. 개미 알고리즘은 지역페로몬갱신규칙(local updating rule), 전역페로몬갱신규칙(global updating rule)과 상태전이규칙(state transition rule)으로 구성된다[6].

4.1 상태전이규칙

개미 알고리즘에서 모델링 되는 인공개미들은 현재의 노드에서 다음에 이동할 노드를 선택하기 위하여 사용하는 규칙이다. 현재의 노드와 연결된 에지들의 비용과 에지 상에 뿌려진 페로몬의 양을 이용하여 에지에 확률값을 할당한다. 할당된 확률값들 중 가장 큰 값을 갖는 에지를 선택하여 새로운 노드로 이동하게 된다. 이 때 현재의 개미가 이미 지나온 노드와 연결된 에지에는 확률값을 할당하지 않는다. 확률값은 페로몬의 양이 많을수록 그리고 비용을 적을수록 큰 값을 갖게 된다.

4.2. 지역페로몬갱신규칙

인공개미가 새로운 노드로 이동한 후 이전 에지의 페로몬 값을 갱신하기 위해 사용하는 규칙이다. 이 규칙은 페로몬의 양을 감소시켜 다음에 동일한 에지가 선택될 확률을 줄이기 위해 사용한다. 개미 알고리즘은 이 규칙에 의해 보다 다양한 해를 만들어 내게 되는 것이다.

4.3. 전역페로몬갱신규칙

개미 알고리즘의 하나에 사이클에서 여러 개의 멀티캐스트 트리들이 생성된다. 이중에 최적의 트리를 선택하여 트리에 포함된 에지들의 페로몬 양을 갱신한다. 최적의 트리에 포함된 에지의 페로몬 양을 증가시켜 다음 사이클에서 에지가 선택될 확률을 높이기 위한 것이다.

4.4. 개미알고리즘의 동작

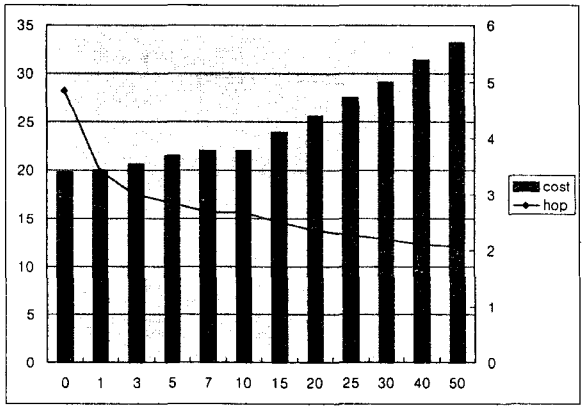
멀티캐스트에 사용되는 개미 알고리즘의 동작은 다음과 같다. 우선 인공개미들은 멀티캐스트의 수신노드들에 각각 하나씩 위치한다. 상태전이규칙을 이용하여 다음으로 이동하게 될 노드를 선택하게 되는데, 선택된 노드가 송신노드이거나 다른 개미가 이미 방문한 노드이면 이동을 중지하게 된다. 이런 과정을 통해 모든 개미들이 이동을 중지하게 되면 하나의 멀티캐스트 트리가 만들어 진다.

5. 실험결과 및 분석

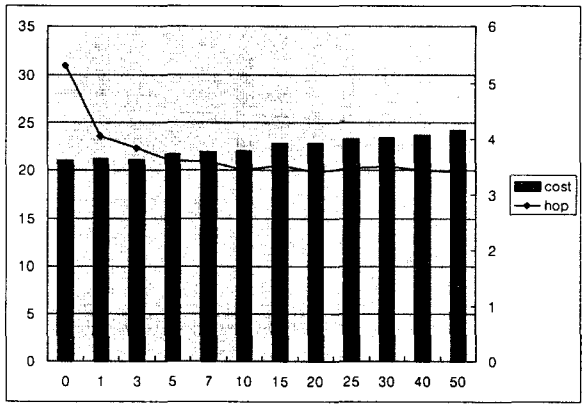
본 논문에서는 트리의 비용과 홉의 관계를 알아보기 위해 유전자 알고리즘과 개미 알고리즘을 실행하였다. 각 차트의 왼쪽 y축은 트리의 비용을 나타내고, 오른쪽 y축은 평균홉수를 나타낸다. x축은 두 알고리즘 모두 비용을 평가할 때 사용되는 아래 수식에서 β의 값이다.

$$TotalCost = Cost + \beta \times AverageHop$$

첫 번째 실험은 노드수 100개, 수신노드수 10개, 노드의 연결도를 0.3으로 하였다. 연결도란 하나의 노드가 자신을 제외한 그래프의 다른 노드와 연결될 확률을 의미한다.



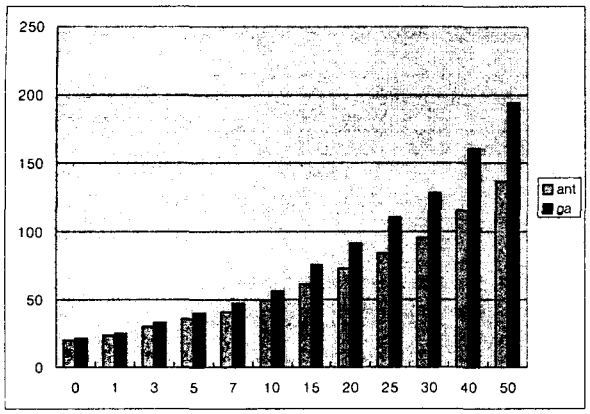
[그림 1] 개미 알고리즘



[그림 2] 유전자 알고리즘

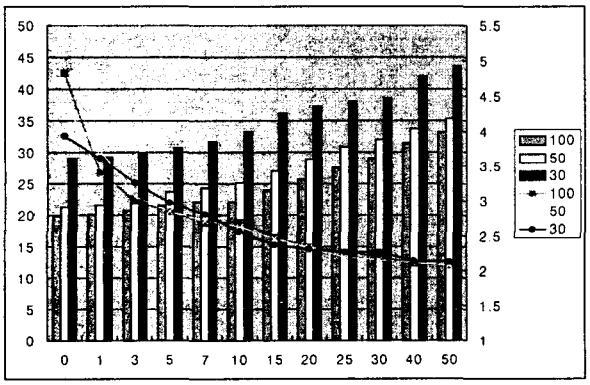
[그림1]의 경우 β의 값이 증가 할수록 트리의 비용은 증가하지만 평균홉수는 점차 감소하는 것을 알 수 있다. [그림2]의 경우도 [그림1]과 유사하지만 평균홉수의 감소가 매우 느리고 β가 어느 정도 증가한 후에는 평균홉수의 변화가 없는 것을 알 수 있다. β 값이 7이상일 때,

개미 알고리즘의 비용이 유전자 알고리즘의 비용보다 높은 것을 확인할 수 있으나, [그림3]에서 알 수 있듯이 *TotalCost*의 비교에서는 개미알고리즘이 항상 우수한 성능을 보이고 있다.

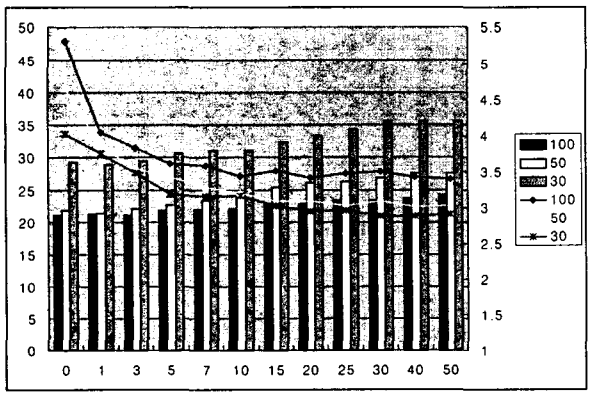


[그림 3] 두 알고리즘의 *TotalCost* 비교

다음 실험은 수신노드를 10개, 연결도는 0.3로 하고 총 노드수를 100개,50개,30개로 하였다.



[그림 4] 개미 알고리즘



[그림 5] 유전자 알고리즘

두 번째 실험에서는 노드수가 적어질수록 비용이 증가한다는 것을 알 수 있다.

본 논문의 실험에 의해 홉을 고려한 멀티캐스팅에서는 유전자 알고리즘은 홉수의 감소가 느리고, β의 값이 어느 정도되면 홉수와 비용의 관계를 표현하기에 적절하지 못한 것을 알 수 있다. 유전자 알고리즘에 비해 개미 알고리즘은 β의 값에 따라 평균홉수와 트리 비용의 관계가 잘 나타나고, 홉수와 비용의 중요도에 따라 적당한 트리를 생성할 수 있다.

6. 참고문헌

[1] Bin Wang and Jennifer C. Hou, "Multicast Routing and QoS Extension : Problems, Algorithms and Protocols", IEEE Networks, pp.22-36, Jan/Feb 2000

[2] Luis Gouveia, Multicommodity Flow Models for Spanning Trees with Hop Constraints, European Journal of Operational Research, Vol.95, pp.178-190,1996

[3] F.Hwang and D. Richards, "Steiner Tree Problems", Networks, Vol.22, pp.55-89,1992

[4] 서용만, 한치근, "실시간 멀티캐스트 라우팅을 위한 유전자 알고리즘", 경희대학교 석사학위논문, 2000

[5] D. E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Addison Wesley, 1989

[6] M. Dorigo, "Ant Colony System : A Cooperative Learning Approach to the Traveling Salesman Problem", IEEE Transactions On Evolutionary Computation, Vol.1, No.1, April 1997