

遺伝的アルゴリズムを用いたネットワーク帯域幅割当

小林英博¹ 棟朝雅晴² 佐藤義治³

1,3:北海道大学大学院 工学研究科 システム情報工学専攻 情報解析学分野

2:北海道大学 情報メディア教育研究総合センター 情報メディアシステム分野

大規模なネットワークにおいてはネットワーク資源を効率良く使用するための帯域幅割り当て (Bandwidth allocation) が求められるが、割り当て問題は組合せ最適化問題であり高速に最適解を得ることが困難である。この問題に対し Mario Gerla[1] らは、平均パケット遅延を目的関数とした解法を提案している。本研究では、Mario Gerla[1] らの平均パケット遅延に基づいた解法を改良し、平均パケット遅延を小さくすると同時に各リンクに対するばらつきを小さくするようなトライフィックの割り当てを行なう多目的最適化を試みる。そこで多目的最適化向けに設計された遺伝的アルゴリズムを適用する。遺伝的アルゴリズムを適用した多目的最適化の解法は数種類考えられているが、パレート最適解を適用して最適解を求める。また、遺伝的アルゴリズムを適用する場合にはパレート最適解を適切に評価・選択することが必要であり、この点に関しての手法を提案する。

Bandwidth Allocation using Genetic Algorithms

Hidehiro Koabyashi¹, Masaharu Munetomo² and Yoshiharu Sato³

1,3:Information and Data Analysis, Graduate School of Engineering,
Hokkaido University

2:Center for Information and Multimedia Studies, Hokkaido University

Effective bandwidth allocation becomes essential to utilize network resources, especially in large networks. In allocation problems, it is difficult to obtain optimal solution in reasonable computational cost because they are classified into combinatorial optimization problems. Mario Gerla et. al[1] proposed an allocation algorithm that minimizes the mean packet delay. In this paper, we try to solve a multi-objective optimization problem that minimizes the delay and also minimizes its variance. We employ genetic algorithms with multi-objective selection strategies in order to obtain a set of Pareto optima.

1 はじめに

計算機ネットワークの規模が大きくなるにつれ、ネットワーク資源を効率よく使用するための帯域幅割り当て (Bandwidth allocation) アルゴリズムが重要となるが、割り当て問題は組合せ最適化問題であり高速に良質の解を得るのが困難である。

MarioGerla[1] らによる研究では、各リンクに割り当てるトラフィックの量と、それぞれのリンクにおいてトラフィックに割り当てる帯域幅との様々な組合せを考えることで平均パケット遅延を最小化することを目的としている。Hong Pan[2] らによる研究では MarioGerla[1] らによる研究と目的は同じだが、組合せを最適化する良質な解を得るために遺伝的アルゴリズムを使用している。しかし、平均パケット遅延だけでは使用されるリンクに不公平が生じる可能性がある。

そこで本研究では、割り当ての公平性を確保するため平均パケット遅延を小さくすると同時に、各リンクに対するばらつきを小さくするようなトラフィックの割り当てを行なう多目的最適化を実現するため、多目的最適化向けに設計された遺伝的アルゴリズムを適用する。

2 遺伝的アルゴリズムと多目的最適化

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithms) は、生物の進化と遺伝の過程にヒントを得た最適化アルゴリズムで、組み合わせ最適化問題や学習システムなど広い範囲の問題に適用可能である。このアルゴリズムでは、まず計算機上に遺伝子を持った仮想的な個体の集団を生成する。遺伝子は、ある記号列 (一般にはビット列) によって表現され、以下の世代交替シミュレーション操作によって進化する。

1:選択 (selection) 各個体の環境への適応度を求め適応度の高いものは次の世代に高い確率で生き残る。

2:交叉 (crossover) 異なった探索点を生み出すため交叉を行ない、任意の二つの遺伝子の部分列を交換する。

3:突然変異 (mutation) 局所解に捕らわれるのを防ぐために突然変異を行なう。

4: 1-3 をあらかじめ設定した終了条件を満たすまで繰り返す。

一方、多目的最適化とは二つ以上の目的関数を同時に最適化することである。従来は複数の目的関数に何らかの演算をほどこして一つの目的関数とし、数理的手法を適用して解決するのが主であった。しかし、多目的最適化の本質は複数の目的関数間でのトレードオフをいかにバランスを取るかという点にある [3]。多目的最適化の理論では、目的関数間でのトレードオフを決定する解に関して、「パレート最適解」を用いている [4]。パレート最適解は複数個あることが多く、これを集合として求めることが必要である。他の解法としては、目的関数に重みを付けて加重する重みパラメータ法、パラメータが未知の場合に対話的にパラメータ値を与えていく対話的手法、目的関数に優先順位を付けその優先順位にしたがって解を絞りこんでいく辞書式配列法、一つの目的関数のみを残して他は定数 ϵ で制約した ϵ 制約法などがある。

GAにおいては個体集団を用いて探索が進められるため、探索の各段階において複数の目的関数に関して個体の評価を行なうことで多目的性を直接取り扱うことが可能である。つまり、それぞれの目的関数に対してある程度良い値を取る個体を持ちながら探索を進めていくという GA の特徴が多目的最適化に適している。GA を多目的最適化問題に適用する場合、パレート最適解を適切に評価・選択し、次世代に残していくことが大切である [3]。この点に関しては、以下の方法が提案されている。

Schaffer の方法 [7]

個体群を目的関数の種類に等しい部分個体群に分割し、各目的関数値に応じて独立に個体を選択して、それぞれの部分個体群を生成する。交叉および突然変異は、生成された部分個体群を全て一つの個体群としたものに対して適用される。この方法では、パレート最適解のいくつかを求めることができるが、一つの目的関数に対して極端に良い解が得られることが多く、妥協解が得られにく

いという問題点が指摘されている。

Goldberg の方法 [8]

優越関係に基づいて定められるランクを利用して選択を行なう方法、ランク付けは次のような手順で行なわれる。

- ランク $r = 1$ とする。
- 個体群の中からパレート最適個体を求め、これらのランクを r とする
- 得られたパレート最適個体の個体群の中から除き、 $r = r + 1$ とする
- 全ての個体のランクが決まるまで、1,2 を繰り返す

Fonseca らの方法 [9]

Goldberg の方法と同様ランクに基づくものだが、ランクの付け方が異なる。Fonseca らのランキング法は、個体 X_i が n_i 個の個体に優越されている時、 X_i のランク $r(X_i)$ を $r(X_i) = 1 + n_i$ としている。しかし、全ての個体に対して優越関係を調べる必要があるので、計算量が多くなるという問題点がある。

Horn らの方法 [10]

優越関係に基づくトーナメント選択を基本とし、トーナメントを行なう固体間での優劣が定まらずに一つの固体を選択できない場合、シェアリングによって多様性がよりよく維持されるような固体を選択するという方法である。

玉置らの方法 [11]

Schaffer の選択法における「妥協解が得られにくい」という問題点に留意し、並列選択とパレート保存戦略を組み合わせることで GA を適用している。この方法ではパレート保存戦略によって妥協解を強制的に次世代に残すとともに、並列選択により各目的関数値のさらなる改善をはかることになる。

3 帯域幅の割り当て

Mario Gerla[1] らによる手法では、帯域幅の割り当てを平均パケット遅延に基づいたネットワーク最適化問題として公式化している。ここでは図 1 のようなネットワークを例に説明する。

このネットワークを元に各ノード v_i を頂点とし、 v_i から v_j へのリンクを辺として first-order グラフを考える(図 1)。次にノード v_i から v_j への全ての実行可能パスを考え、それを元に second-order グラフを考える。second-order グラフは、多重辺を持つ完全連結グラフになる(図 2)。

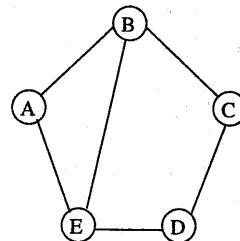


図 1: first-order グラフ (物理ネットワーク)

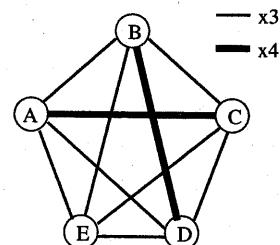


図 2: second-order グラフ (Virtual Circuit)

Mario Gerla[1] らによる手法の目的は、平均パケット遅延が最小になるように、トラフィックと帯域幅を割り当てる事である。待ち行列理論によりトラフィック k の長さを r_k とし、平均パケット長を μ とすると、トラフィックの平均到着割合は

$$\lambda = 1/\mu \sum_{k=1}^Q r_k \quad (1)$$

となる。さらに m 番目のリンクの容量が C_m であり、 m 番目のリンクを流れるトラフィックを f_m とすると、平均パケット遅延 T は、

$$T = 1/\lambda \sum_{m=1}^M \frac{f_m}{C_m - f_m} \quad (2)$$

となる。

ここで $\vec{C} = (c_1, c_2, \dots, c_M)^T$ を second-order パスの容量のベクトルとし、 $\vec{F} = (f_1, f_2, \dots, f_M)^T$ を second-order パスを流れるトラフィックのベクトルとする。 T を最小とするベクトルの探索にはまず ∇C を最小にするベクトル $C^\#$ と、 ∇F を最小にするベクトル $F^\#$ を見つけ、この二つの重み加重を使い最適解を探索する。

Hong Pan[2] らによる研究では、この手法を改良し探索に遺伝的アルゴリズムを使用している。目的関数は Mario Gerla[1] らと同様 (2) を用いている。個体となるストリングの表現を $S = (s_{01}, \dots, s_{ij}, \dots, s_{M-1,M})$ とする。ここで s_{ij} はノード i から j へのリンクの容量と、そのリンクを流れるトラフィックの量をコード化したものである。例えば図 3 のようなネットワークを考えると、個体は $S = (S_{AB}, S_{AC}, S_{BC})$ として表される。ノード A から C へのパスは $A - B - C$ と $A - C$ の 2 つが考えられるので、仮に各リンクの容量が 3 で、 A から B へのトラフィックを 2 とすると、 S_{AB} の値は、表 1 の様に決められる。

つまり S_{ij} は考えられる全てのパスの組み合せに対し容量とトラフィックの様々な場合の組合せを考え、パケット遅延が最小になるような S を求めるのである。ここで s_{ij} の組合せを個体集団と考えることで、GA を使用することが可能となる。

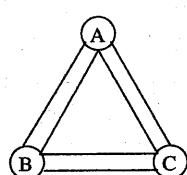


図 3: 3-node ネットワーク

S_{AB}	Path1 の容量	Path2 の容量	Path1 の traffic	path2 の traffic
0	0	2	0	2
1	1	2	0	2
2	2	2	0	2
3	3	2	0	2
4	0	3	0	2
5	1	3	0	2
:	:	:	:	:

表 1: S_{AB} の決定表

4 提案手法

4.1 概要

様々な帯域幅を持つリンクが混在しているネットワークでは、平均パケット遅延が最小であっても、全てのリンクが効率的に使用されているとは限らない。そこで本手法では、平均パケット遅延を最小にするだけでなく、公平なリンクの使用、すなわち各リンクの分散を小さくすることを考える。これはリンクが充分な容量を持っている場合には、各パスにバランス良くトラフィックが流れることも、最も効率良いネットワーク資源の使用につながるからである。

具体的には F を各リンクを流れるトラフィックの分散とした場合、

$$F = 1/M \sum_{m=1}^M (\bar{f} - f_m)^2 \quad (3)$$

となる。ここで、 M が全リンクの数で、 \bar{f} が平均トラフィック、 f_m が m 番目のリンクを流れるトラフィックである。これの逆数をとった

$$G = 1/F \quad (4)$$

を、公平なリンク使用の評価関数とする。

また、[2] では、割り当てるべきパスの容量と、そこへ割り当てるトラフィックの量をそれぞれ遺伝子における一つの記号としている。この手法では、ネットワークが大規模になると、これらの組合せが指数関数的に増大してしまう。そこで本手法では、各パスを使用するかしないかのみに着目した。これにより、可能な遺伝子の組み合わせを実行可能パスと同数に抑えることができる。

4.2 遺伝子の初期化

まず初期遺伝子として、0と1からなるストリングをランダムに発生させる。ストリング中のビットの数は、ネットワークにおける全実行可能パス数と同数とする。それぞれのパスに一つのビットが対応し、0に対応するパスは使用せず、1に対応するパスは使用することになる。ノード i から j へのパスのうち、全てが 0となってしまうとパスそのものがなくなってしまうため、そのような個体の適応度は 0とし、この世代で淘汰される。後に遺伝的アルゴリズムによる操作を行なった場合でも同様である。この初期遺伝子は任意の数を発生させてよい。そして各遺伝子について、それぞれ (3) 式と (4) 式に基づいて、二つの適応度を計算する。

4.3 選択

適応度をもとに次の世代に生き残る個体を選択する。実際の選択にはルーレット法、ランキング法、トーナメント法をそれぞれ使用する。ルーレット法の実行手順として、まず個体の 1 番目から i 番目までの適応度を足し合わせる。これを仮に $\text{sum}(i)$ とする。 $\text{sum}(i)$ から $\text{sum}(i-1)$ を引いたものが、 i 番目の個体の持つルーレットの幅とする。次に乱数を用いて 0 から $\text{sum}(N)$ (N は全個体数) 間の任意の値を一つ選び、その値が当てはまる区間を持つ個体を選ぶことにする。またランキング法は適応度の高い順に個体を並べ上位の個体を選択する手法であり、トーナメント法は任意の二つの個体を比較し適応度の高い個体を選択するという手法である。

4.4 交叉

交叉の方法には、任意の一点で前後を入れ換える方法や、複数の点を選び、一定の範囲での入れ替えを行なう方法などがあるが、本手法では一点交叉を行なう。まず 1 から $N-1$ の間で、二つの異なる値 (A と B) を任意に求める。更にストリングの幅の範囲で、任意の値 C を一つ決める。次に、A 番目の個体の C 番目より前のストリングと、B 番目の個体の C 番目以降のストリングを一つの個体とし、残りをもう一つの個体とする。これを繰り返すことで任意の回数の交叉を行なうことが出来る。ここで、一つの個体に複数回の操作を行なうと、元々の形質が損なわれてしまう可能性があるため、一回の世代交替シミュレーションの中での A と B の値は、重複しないものとする。

c 番目
A:010101 001001001
B:101010 110110110
↓
c 番目
A:010101 110110110
B:101010 001001001

1 点交叉

4.5 突然変異

交叉を行なった遺伝子集団に対し、任意の一点の値を変化する。対象とする個体から任意の一つを選び、さらに遺伝子の場所も任意に決定し、選ばれた記号を反転する。しかし、突然変異を頻繁に行なうと、両親とはかけはなれた遺伝子を持つ個体が生まれる可能性が高まることになる。突然変異の割合に特に最適な決め方がある訳ではないのだが、あまり頻繁になり過ぎないように注意する必要がある。突然変異の操作まで終った遺伝子集団は、改めて適応度を計算する。

4.6 平均パケット遅延の計算

突然変異まで行なうことで求められた個体を使い、もう一度平均パケット遅延を計算する。用いる式は (2) とする。分散と同様に、値の小さいものほど環境に適しているのため、適応度には平均パケット遅延の逆数を取ったものを用いる。

4.7 世代交替の終了条件

まず、帯域幅に着目した適応度と平均パケット遅延に着目した適応度の平均値を求める。世代交替の終了条件としては、

- 一定世代適応度の改善が見られない場合
- 平均適応度値があるしきい値を超えた場合
- 世代交替が一定回数に達した場合

などが考えられる。本研究では、一定世代適応度の改善が見られない場合を終了条件とする。これは、理論的な最適解が予測不可能なため、一定世代適応度に改善がみられない場合にその適応度が最適解であるとし、世代交替を終了する。

4.8 多目的最適化の解法

2章で述べた多目的最適化の解法は大きく

- それぞれの目的関数について独立に選択を行なう
- 解の優越関係に基づいて選択を行なう

の二つに分類される。本研究では計算時間の短縮も考慮しているので、比較的計算に時間がかかる Fonseca らの手法は明らかに不向きである。また本実験で用いる二つの目的関数はどの手法が最適かを判断できないので、Schaffer の方法、Goldberg らの方法、Horn らの手法をシミュレーション実験により比較する予定である。

5まとめ

本論文では効率のよい帯域幅割り当てを行なうため、GA を用いた多目的最適化を試みた。目的関数として平均パケット遅延とネットワークの各リンクを流れるトラフィックの分散値を利用する手法を提案した。

今後の課題は実際にシミュレーションを行ない、多目的最適化によってネットワークの利用率の改善を示すことである。これは、目的関数が複数となるため最適解を見つけるまでの計算時間が増加する事が予想されるが、全体としての効率は高まるものと期待できる。

参考文献

- [1] Mario Gerla: "Topology Design and Bandwidth Allocation in ATM Nets", *IEEE Journal on selected areas in communications, Vol.7, No.8* (1989)
- [2] Hong Pan & Irving Y. Wang: "The Bandwidth Allocation of ATM Through Genetic

Algorithm", *IEEE Global Telecommunications Conference* (1991)

- [3] 北野宏明: 遺伝的アルゴリズム 2, 産業図書 (1995)
- [4] 西川・三宮・茨木: 「最適化」第 4 章, 岩波書店 (1982)
- [5] 阿瀬・山岸・茂手木: ナーススケジューリングシステム, NKK 技報 No.139 (1992)
- [6] Masui,T.: "Graphic Object Layout with Interactive Genetic Algorithms", *Proceedings of the 1992 IEEE workshop on Visual Languages* (1992)
- [7] Schaffer,J.D.: "Multiple Objective Optimization with Vector Evaluated Genetic Algorithms", *Proc. of the First International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications* (1985)
- [8] Goldberg,D.E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley (1989)
- [9] Fonseca,C.M. and Fleming,P.J.: "Genetic Algorithms for Multiobjective Optimization: Formulation, Discussion and Generalization", *Proc. of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms* (1993)
- [10] Horn,J., Nafpliotis,N. and Goldberg,D.E.: "A Niched Pareto Genetic Algorithm for Multiobjective Optimization", *Proc. of the First IEEE conference on Evolutionary Computation* (1994)
- [11] 森・玉置・荒木:多目的最適化問題に対する遺伝アルゴリズムの一構成法, 第 38 回システム制御情報学会研究発表講演会論文集 (1994)