

# 遺伝的アルゴリズムによる通信品質を考慮した経路制御手法

松本 和謙<sup>†</sup>, 小山 明夫<sup>‡</sup>, バロリ レオナルド<sup>††</sup>, 程 子学<sup>‡</sup>

<sup>†</sup> 会津大学大学院コンピュータ理工学研究科 (m5051233@u-aizu.ac.jp)

<sup>‡</sup> 会津大学コンピュータ理工学部 ({koyama,z-cheng}@u-aizu.ac.jp)

<sup>††</sup> 山形大学人文学部 (barolli@human.kj.yamagata-u.ac.jp)

## Abstract

近年, 世界規模でコンピュータネットワークの普及が広がっている. それにともない, ネットワークトラフィックの負荷を監視し, 制御を行う機構をより高機能なものへと進化させることが要求されている. ネットワーク上の通信経路の制御方法, すなわちルーティング手法は各方面で多種多様なアルゴリズムを用いて研究されている. 本研究では, ネットワーク負荷の制御を行う際, 遺伝的アルゴリズムを用いてより早期により高品質なルーティングを行うことを目指す. また, 扱う通信品質 (QoS: Quality of Service) は, 単体のみならず, 複数をサポートする. 本研究の目標は, ネットワークへの負荷を押さえつつ, 変化するネットワーク環境により速く適応したルーティングを行うことにある. シミュレーションを用いて提案したアルゴリズムを評価した結果, 提案したルーティング手法がネットワークトラフィックの変化に素早く対応できることを確認した. また, 今回のシミュレーションにおいて QoS パラメータとして, 「遅延時間」, 「転送成功率」の 2 品目を扱った結果, 遅延時間単体のみをサポートした場合より, 品質面において優れた結果が得られることも確認した.

## A Quality of Service Routing Method Using Genetic Algorithm

Kazunori Matsumoto<sup>†</sup>, Akio Koyama<sup>‡</sup>, Barolli Leonard<sup>††</sup>, Zizue Cheng<sup>‡</sup>

<sup>†</sup> Graduate School of Computer Science and Engineering, The University of Aizu

<sup>‡</sup> Faculty of Computer Science and Engineering, The University of Aizu

<sup>††</sup> Faculty of Literature and Social Sciences, Yamagata University

Recently, computer networks have been spread everywhere. Therefore, it is necessary to develop high quality control mechanism to check the network traffic load. To deal with this problem, various routing algorithms are proposed. In this research, we propose a routing algorithm which considers the Quality of Service (QoS) and has a fast response time. The routing algorithm is based on a genetic algorithm and shows an adaptive behavior to the dynamic network changes. As QoS parameters, we consider transfer delay and transmission success rate. The proposed method has better behavior than the conventional method.

### 1 はじめに

近年, インターネット上で, マルチメディア情報をサポートするために QoS を満たすルーティングが求められている. 特に, ビデオオンデマンドや遠隔会議といった新しいサービスが要求されはじめ, よりいっそうトラフィック量の増加が見込まれる. こういったマルチメディア情報はテキストベースの

情報と比べ遥かに情報量が膨大なため, 情報の圧縮, エージェントの使用 [1] といった技術的加工が施されネットワークへ配信されている. しかし, ネットワーク資源は有限であるため, トラフィック制御を行わずに帯域を確保することは困難である. そこで, これらのサービスを満足させる帯域確保アルゴリズムが必要となる. つまり, クライアントと情報

のやり取りを行う目的ノードとのルーティングを行う際、クライアントが求める品質を満たすことを考慮してルーティングを行うことが必要なのである。

本研究ではこのような背景のもと、QoSを考慮する遺伝的アルゴリズム (GA:Genetic Algorithm) を用いたルーティングアルゴリズムの提案を行う。従来のGAを用いたルーティングの研究 [2] では、遺伝子のマッピング方法をあまり工夫していなかったために遺伝的処理が複雑になっていた。また、品質を複数サポートするものも少なく、たとえ品質を複数サポートしていても、それに伴いアルゴリズムが複雑化し計算量が増加するという傾向にあった。よって、本研究では、従来手法を用いて遺伝的処理を行うとエラー補正処理が必要であったのに対して、その処理を必要としない遺伝子のマッピングを行い、従来手法よりも遺伝的処理に費やされる時間を抑えたアルゴリズムを提案する。また、シミュレーションを用いて開発したアルゴリズムの性能評価を行う。

## 2 遺伝的アルゴリズムの処理手順

遺伝的アルゴリズムでは、選択や交叉、突然変異といった遺伝的操作を各個体に適用し、環境に適した個体が次の世代へ子孫を残すという自然界の淘汰機構を模した処理を行っている。そして、新しい個体集団があらかじめ与えられた条件を満たす（与えられた問いの解を得るかまたは設定した世代数まで解が得られない）まで、適応度の評価、交叉、突然変異を繰り返す。これらの処理の詳しい様子を図1に示す。

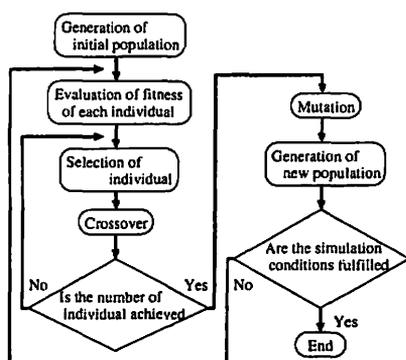


Figure 1: 遺伝的アルゴリズムの処理の流れ

## 3 提案手法

### 3.1 従来手法の問題点

従来手法 LBR (Load Balancing Routing)[2] では、ネットワークをそのままの形で使用し、通信経路のノードの並びがそのまま遺伝子として表現されている。この方法では、遺伝的操作を実行して問題を解く際、必要のない場所を探索したり、探索すべき場所を探索しなかったりすることがある。また、各遺伝子が隣接する遺伝子と相互作用するため、

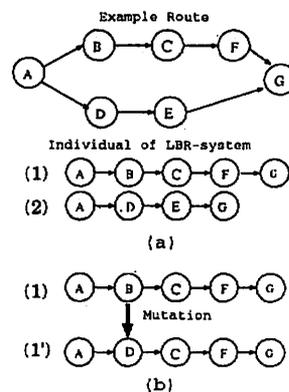


Figure 2: LBR 手法の欠点

交叉や突然変異といった遺伝的処理を複雑にする。ここで図2を覗いていただきたい。

図2のネットワークにおいて「A」から「G」までのルートを決める時にLBR手法を用いると、図2-(a)のような(1),(2)の2つの個体(ルート)のみが作成される。よって、この2つ以外に個体が作成されたとしてもその個体は致死遺伝子(リンクが存在しない箇所)を含んでいるために存在することができない。それは、図2-(b)にあるように(1)から(1')が突然変異によって生成された時などに起りうる。(1')において「A-D-C-F-Gルート」が出来上がっているが、これは実在しないリンクを含んでいる。よってこの個体は、個体集団から削除されることとなる。提案手法では遺伝的操作を行いやすくし、無駄な計算を行わなくても済むように、無向グラフのネットワークをそのまま使用するのではなく、ツリー表現のネットワークを用いて遺伝子のマッピングを行う。

### 3.2 ネットワークのツリー表現と提案手法

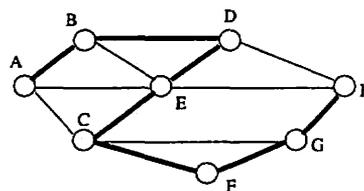


Figure 3: ノード数8のネットワークモデル

図3のネットワークにおいてツリー表現法を示す。まず、出発点を「A」、目的点を「H」とした時のツリー表現は図4のようになる。

ここで少しこのツリーの作成方法を解説する。まず図3の出発点であるノード「A」を親とし、ノード「A」に隣接する「B」、「C」、「E」が、ノード「A」の子供となるようにツリーを作成する。同様に、「B」を親とする子供「D」、「E」を作成する。

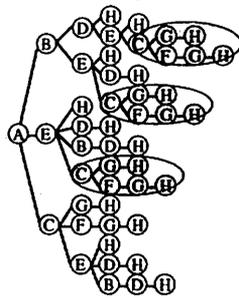


Figure 4: ツリーモデル I

以下、同様に同じ作業を繰り返すことでノード「A」を頂点とするツリーを作成することができる。この時、ループが発生しないようにすべてのルートを作成する。次に、このツリーの重複する分岐点（図4の網掛け部分）をまとめて、ツリーを新たに作成する。この時の重複する部分とは、分岐点ノードが同じでありその子供のリンクがすべて一致しているものをさす。一つでもリンクが一致していない場合、まとめることはできない。その後、ツリーの各分岐点に番号をつける（図5）。番号の付け方は、ある規則に基づいて行っている（後述）。

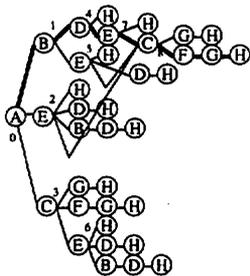


Figure 5: ツリーモデル II

このようにして作成されたツリーを用いて、ネットワーク経路を表す個体を表現する。ここで、各分岐点を遺伝子とした時、その並びによって示される染色体から経路が決定される。ここでいう遺伝子とは図6-(a)にあるような配列を取った時の各配列番号で取りうる値（0番目においてはB,E,C）を指し、染色体とはその並びによって表される一つの配列だと考えてもらえばよい。

例えば、図5の太線で示されるような経路「A-B-D-E-C-F-G-H」を選んだ場合の配列は、図6-(b)のようになる。この時、配列内で使用している場所（0,1,4,7,8）には、使用していることを示すフラグを立てておく。こうして得られた個体は、LBR手法のように隣接する遺伝子同士が相互作用しない（後述）。よって、ルーティングを行う際、突然変異や交叉といった遺伝的操作が施しやすい。さらに、重複部分をまとめているため、個体の染色体の遺伝子数

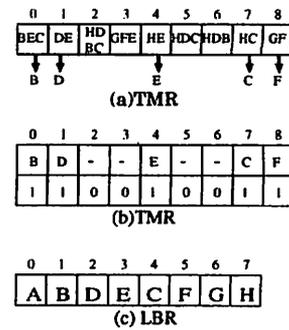


Figure 6: 経路 [A-B-D-E-C-F-G-H]

が少なくなり、ルーティングを行う際の計算量を削減することもできる。

ここで、図3のネットワーク上のルート（A-B-D-E-C-F-G-H）を表す染色体の例を図6に示す。図6-(b)は、前述のようにして作成されたツリーから表された提案手法のTMR（Tree Model Routing）手法。図6-(c)はネットワークノードをそのまま表した従来手法であるLBR手法である。

この表現方法について少し解説をする。図5において、各々の分岐点に番号がついている。この番号はツリーの根を「0」として次々と分岐点に一意の番号が割り振られているのだが、番号の割り振りの際、階層が浅いノードである親ノードの分岐点番号が、階層の深い子ノードよりも若い番号に設定されるような規則に基づいている。これは、図6-(a)で示す配列においてネットワーク上を通る順路と配列を左から列挙した値とを一致させるために行っている処理である。こうすることで、配列の扱いを簡素化し遺伝的処理を施しやすくしている。また、図5の分岐点番号と図6-(a)の配列番号は一致していることに注目していただきたい。つまり、ツリーを作成すれば分岐の数が一意に決定されるので、提案手法であるTMRの場合、どんなルートを取ろうとも染色体長が一定に保たれる。今回の場合、染色体長（配列長）が「9」に固定されている。一方、LBR手法の場合、使用するネットワークのルートによって染色体の長さが一意に決定しないことがわかる（図7）。

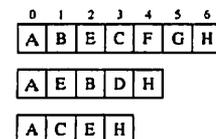


Figure 7: LBR手法の配列

つまり、TMRは染色体長が一定のため、遺伝的処理を施す際、染色体に含まれている遺伝子をチェックする必要がない。必要なのは、各々の配列の同じ

番号においてフラグが立っているかどうかをチェックすることだけである。また、突然変異も、配列内で突然変異を起こす位置だけを決定し、その位置にある別の遺伝子（配列の要素）を選択するだけなので、遺伝的処理が施しやすくなっているといえる。一方、LBR手法では染色体の長さが一意に定まっていないため、遺伝的処理を施す際、一度、処理を施す染色体の遺伝子をチェックする処理が必要となる。さらに、そうやって作られた新個体が実在できるものなのか（実際にある経路であるか）をチェックする処理も必要となる。TMR手法とLBR手法を使った交叉の例を示すと、TMR手法の場合、交叉を行う2つの個体において、まず、フラグが立っている場所が同じであるところを探す（図8）。

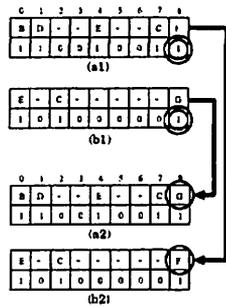


Figure 8: TMR手法の交叉の例

この時、同じところにフラグが立っていなければ交叉は行えない。交叉が行えるならば、その位置において交叉を行う。勿論、新しく生成された個体は実在することが可能であることは保証されている。一方、LBR手法の場合、交叉を行う2つの個体において、同じ遺伝子を含む位置を探す（図9）。そして、その場所で交叉を行い新たな2つの個体を作成する。しかし、その個体の実在できるものなのかチェックをする必要がある。つまり、新しく生成された個体のルートが実際にあるかを確認するのである。その結果、図9-(a)は存在することができるが、図9-(b)はループを含んでいるために存在できないので個体集団から削除される。また、突然変異の場合も、TMR手法の場合、突然変異を起こす個体のフラグが立っている位置の中でランダムに

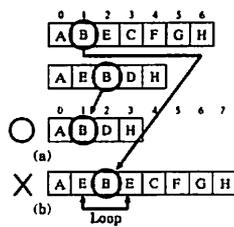


Figure 9: LBR手法の交叉の例

位置を決定する（図10）。そして、その位置にある別の遺伝子（配列の要素）を選択し、新たな個体を作成する。この時、突然変異を施した位置より後ろにある遺伝子群は新しくツリーモデルから作成可能なルートを作成する。これもまた、実在することが可能であることは保証されている。一方、LBR手法の場合、突然変異を起こす個体において、まず、突然変異を起こす位置をランダムで決定する（図11）。そして、突然変異を起し新たな個体を作成する（図

位置を決定する（図10）。そして、その位置にある

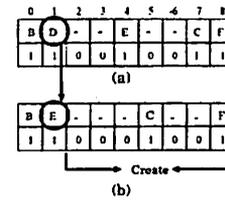


Figure 10: TMRの突然変異の例

別の遺伝子（配列の要素）を選択し、新たな個体を作成する。この時、突然変異を施した位置より後ろにある遺伝子群は新しくツリーモデルから作成可能なルートを作成する。これもまた、実在することが可能であることは保証されている。一方、LBR手法の場合、突然変異を起こす個体において、まず、突然変異を起こす位置をランダムで決定する（図11）。そして、突然変異を起し新たな個体を作成する（図

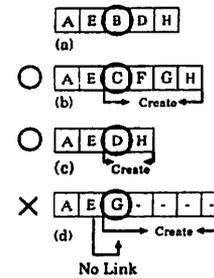


Figure 11: LBRの突然変異の例

11-(b),(c),(d)). 突然変異を起した位置より後ろのにある遺伝子群は新しくランダムに生成される。しかし、この場合もその個体の実在できるものなのかチェックする必要がある。その結果、図11-(d)はリンクが存在しない部分を含んでいるので個体集団から削除される。

#### 4 品質の表現

先にのべたように、本研究ではQoSパラメータとして「遅延時間」、「転送成功率」を使用している。転送成功率とは、各ノードから次のノードまでパケットを送る際パケットが紛失されずに、無事に到着する確率（TSR）を表している。パケット紛失はルータ上のメモリ不足などによってキューが溢れたりネットワークに障害が起ることで引き起こされることがある。

図12のようなネットワークがある時、パケットをAからBまで10個送るとすると(1),(2)式より、(a)のネットワークが優秀であることが分かる。

$$10 \times 0.9 \times 0.9 \times 0.9 \times 0.9 = 6.561 \quad (1)$$

$$10 \times 1.0 \times 1.0 \times 0.6 \times 1.0 = 6.000 \quad (2)$$

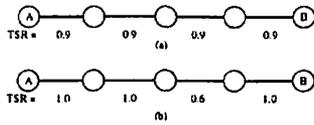


Figure 12: 転送成功率の例

ここで、ネットワークリンクに設定される品質情報の例を図 13 に示す。

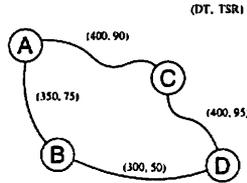


Figure 13: リンクに設定される品質情報の例

図 13 において、各リンクごとに遅延時間 (DT) と転送成功率 (TSR) が示されている。「A」から「D」まで通信を行うと仮定すると、「A-B-D」と「A-C-D」の 2 通りのルートがあるが、以下のような数式に基づき「A-C-D」(4 式) のルートを選択する。これは、DT と TSR の比率を表しているため、小さい値を示した (4) をより良いルートとして選択している。

$$\frac{350}{75} \times \frac{300}{70} = 19.997 \quad (3)$$

$$\frac{400}{90} \times \frac{400}{95} = 18.711 \quad (4)$$

よって、次章以降でシミュレーションを行う際もこのような方法に基づき優秀なルートを決定し、各ルートの優劣付けを行う。

## 5 シミュレーション

### 5.1 概要

3,4 章で提案した TMR 手法を用いて、シミュレーションを行いその結果を求める。シミュレーションはノード数 20 のネットワークを使用し、TMR 手法と LBR 手法の結果を比較、検討する。また、品質が 1 個の場合と 2 個の場合で、どの程度の違いが現れるかも比較、検討する。ノード数 20 のネットワークモデルを図 14 に示す。

### 5.2 方法

まず、各リンクに遅延時間と転送成功率をランダムに設定する。次に、遅延時間 (DT) と転送成功率 (TSR) から総合値 (T) を算出する。総合値はその個体の環境に対する適応度を計るために用いられ次式によって求める。

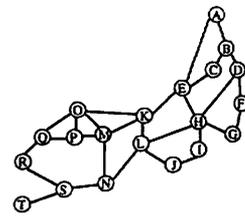


Figure 14: ノード数 20 のネットワークモデル

$$T = \frac{DT}{TSR} \quad (5)$$

総合値は、値が小さいほど良い個体であることを意味する。ここで述べる遅延時間とはあるノードから次のノードまでパケットが届けられるのにかかる総合時間をさす。

ここで、ノード A からノード T へパケットを送信すると仮定し、最初はネットワーク内で一番最適な経路を用いて通信を行っているとする。次に、その最適な経路上に急激な輻輳状態を起し、各々のアルゴリズムがどのくらいの速さで要求する品質を満足する新しい経路を探ることができるかを調査する。調査の値として、発見に至るまでにかかる実行時間と個体集団の世代数を取り扱う。遺伝的操作は、輻輳を回避し、あらかじめ設定した品質レベル以上のルートが見つかるか、または、あらかじめ設定された世代数を満たすまで繰り返すものとする。今回のシミュレーションにおいて遺伝的操作を終了するための条件として設定した品質レベルは、全ルートを 1 から順に、品質の良い順 (総合値の小さい順) でランク付していったとき 10 番以内の品質を満たした場合に遺伝的操作を終了するものとする。なお、このランク付けは提案手法と従来方法の精度を分析するために、プログラムがすべてのルートの品質レベルを知っていると仮定して行っている。実際のルーティングでは、すべてのルートの品質レベルを把握することは無理なので、品質がある一定レベル以上 (クライアントの要求品質など) になった経路を採用する方法になる。また、品質を満たすものが見つからない場合に繰り返す世代数は 200 回としている。世代数を満たしても優良な解が見つからない場合は、その時点で遺伝的操作を終了し、解が得られなかったという結果を出力する。比較を行う場合の全てのパラメーターは同じものに設定し、初期世代の個体集団も全く同じものを用意する。以上の条件で、LBR 手法と TMR 手法のシミュレーションを行う。

### 5.3 結果および考察

シミュレーション結果を表 1、および図 15 に示す。図にある値は、シミュレーションを数十回行った平均値を記している。TA は総合値の平均ランク値、DA は遅延時間の平均ランク値、TSRA は転送成功率の平均ランク値、GSA は解を得るまでの世代数の平均値、GOTA は遺伝的処理にかかった平均実

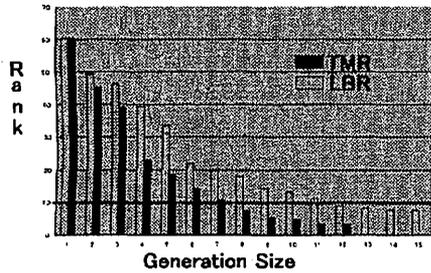


Figure 15: 2つの手法の進化の比較

Table 1: 2つの手法の性能評価

Twin Quality Support (DT, TSR)					
(a)	TA	DA	TSRA	GSA	GOTA
TMR	4.47	10.52	9.36	9.00	85.78
LBR	5.36	15.31	11.00	14.73	324.21

Single Quality Support (DT)					
(b)	TA	DA	TSRA	GSA	GOTA
TMR	-	4.66	70.60	8.33	69.04
LBR	-	4.80	95.58	16.14	341.90

TA : Total Rank Average  
 DA : Delay Rank Average  
 TSRA : TSR Rank Average  
 GSA : Generation Size Average  
 GOTA : Genetic Operating Time Average

行時間 (単位: msec) を表している。シミュレーション結果より、遺伝的操作に要する時間 (表1のGOTA) はLBR手法よりもTMR手法の方が短いことが分かる。これは、LBR手法の場合、交叉や突然変異の操作によって新しい個体が生成された後に、その個体が経路として成立しているかどうかを確認する処理を余分にしなければならないことが原因であることが分かった。よって、TMR手法の方が解を得るまでの時間が短いため、ネットワーク環境の変化により迅速に対応したルーティングを行うことが可能であることが分かる。また、解を得るまでの世代数を比べてみると、TMR手法の方がより少ない世代で解に到達している。(図15) これは、TMR手法のほうが少ない遺伝的操作で適切な解を探し出すことができることを示している。つまり、ネットワークにおける探索効率が良いことを表している。さらに、最終的に見つけたルート of the Rank に注目すると (表1のTA)、TMR手法のRankの方が若い世代にもかかわらず良い値を取っていることが分かる。これは、TMR手法の個体の進化時、LBR手法より多くのバリエーションを得ることができるので、1世代進化時のRank上昇率がLBR手法よりも高くなるからであると考えられる。このRank上昇率の違いは、図15においてのLBR手法とTMR手法の推

移の違いを見比べることで確認することができる。よってこの上昇率の違いが、最終的にたどり着くRankにも影響を出しているものと考えられる。

次に、品質のサポート状況を見てみると、品質を単体のみサポートした場合と、複数サポートした場合での遺伝的操作にかかる時間はほとんど変わらないことが分かる (表1のGOTA)。これは、各個体が評価される時の値が、品質を複数にした時でも、単品質の時と同じように総合値という単体が評価の対象となっているためである。個体の品質も、表1(a),(b)のDAとTSRAを比べてみれば分かるように、DAとTSRAの両方とも要求する品質を満たしている。単体サポートと複数サポートによって得られる経路の遅延時間と転送成功率の値を比べてみると (表1のDAとTSRA)、単体サポートの場合とくらべて複数サポートした場合の方が、両方の品質をより満足させる値を得ることを確認できる。つまり、実ネットワークにおいてもより優良な経路を選択できることを示している。また、ユーザーがこれらの品質の重要度を設定することにより、各々に合ったQoSを受けることもできる。例えば、リアルタイムの動画配信の場合、多少のパケットロスを許容範囲としそのかわり、遅延時間の短縮により重みを置くことでユーザーのニーズに答えることが可能となる。提案手法による品質の複数サポートの有効性が示された。

以上より、提案したTMR手法は従来手法であるLBR手法より優れていることが証明された。

## 6 おわりに

本研究では遺伝的アルゴリズムを用いたQoSルーティング手法を提案した。そしてシミュレーションにより、そのルーティングに要する時間の実時間性と品質の性能が優れていることを確認した。以下に、提案手法の優れている個所を挙げる。

- ・従来手法のLBR手法よりも遺伝的処理が速い
- ・品質を複数サポートしている
- ・遺伝的操作が容易である
- ・探索効率が良い

今後の課題として、ツリーを自動化できるようにアルゴリズムを改良していく予定である。

## References

- [1] 小管 昌克, 山崎 達也, 荻野 長生, 松田 潤: "マルチエージェントによる適応的 QoS 制御方式", 電子情報通信学会論文誌, Vol. J82-B, No. 5, pp. 702-710, 1999.
- [2] 棟朝 雅晴, 高井 昌彰, 佐藤 義治: "負荷分散機構を有する適応型ルーティングの一手法", 情報処理学会研究報告, Vol. 97, No. 13, pp. 205-210, 1997.
- [3] L. Barolli, A. Koyama, S. Motegi and S. Yokoyama: "Performance Evaluation of a Genetic Algorithm based