

# 遺伝的アルゴリズムを用いた 高速ネットワークのための QoS ルーティング手法

松本和謙<sup>†</sup> 小山明夫<sup>††</sup>  
パロリレオナルド<sup>†††</sup> 程子学<sup>††</sup>

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おさえつつ、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行った結果、提案したルーティング手法がネットワークの変化に素早く対応できることを確認した。また、今回の実験において 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 QoS Routing Method for High-Speed Networks Using Genetic Algorithm

KAZUNORI MATSUMOTO,<sup>†</sup> AKIO KOYAMA,<sup>††</sup> BAROLLI LEONARD<sup>†††</sup>  
and ZIXUE CHENG<sup>††</sup>

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ネットワークスループットや品質といった QoS を満たすルーティングが求められている。これは、インターネットの急速な普及のため、ネットワークを流れるトラフィック量が急激に増大したこ

とによる。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はる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<sup>1)</sup>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。ここでいう帯域確保とは、目的ノードまでの経路上で要求される品質を満たす帯域を確保することである。つまり、クライアントと情報のやりと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

<sup>†</sup> 会津大学大学院コンピュータ理工学研究科  
Graduate School of Computer Science and Engineering,  
The University of Aizu

<sup>††</sup> 会津大学コンピュータ理工学部  
Faculty of Computer Science and Engineering, The  
University of Aizu

<sup>†††</sup> 山形大学人文学部  
Faculty of Literature and Social Sciences, Yamagata  
University

なのである。

本研究ではこのような背景のもと、QoSを考慮したルーティングアルゴリズムの提案を行う。現在、多くの研究者がGA ( Genetic Algorithm ) やFL ( Fuzzy Logic ), NN ( Neural Network ) などといった知的アルゴリズムを用いたQoSルーティングの研究を行っている。GAとは生物の遺伝学にならった調査システムである。1975年、J.H. Hollandによって生み出され、簡単な技術で比較的早く近似解へたどり着くことが特徴である。GAは爆発的計算量が必要とされる解を導き出すときに、最も有効なアルゴリズムの1つとされている。従来の遺伝的アルゴリズムを用いたルーティングの研究<sup>3),4)</sup>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しまっていた。また、品質を複数サポートするものも少なかった。たとえ品質を複数サポートしていても、それにともな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<sup>2)</sup>。

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、エラー補正処理を行わずに済むように遺伝子のマッピングを工夫し、従来手法よりも遺伝的処理に費やされる時間を抑えたGAを用いたQoSルーティングアルゴリズムを提案する。提案するアルゴリズムは、ネットワーク上を流れるパケットを観測することで、動的に変化するネットワークトラフィックに対して素早く適応できる。さらに、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。シミュレーションは、仮想ネットワークを作成し、各ノード間のリンクへ通信品質情報をランダムに生成し、一番最適なルート上に輻輳を発生させ、そこから別の最適な経路を探索するのにかかる処理時間を従来のアルゴリズムと比較することで行う。

## 2. 遺伝的アルゴリズム

この章では、遺伝的アルゴリズムの基本概念と処理手順を解説する。

### 2.1 基本概念

自然界において個体が生き残るためには、それらの個体が生存している環境の変化に適応することが必須である。特に、各々の特徴は遺伝子と呼ばれる基本単位によって制御される。これらの遺伝子の組が染色体を構成していて、個体が生き残るための鍵となっている。個体が環境に適応しているかどうか、また、生き残れるかどうかはこの染色体によって決定する。個体の進化は、自然淘汰と遺伝的要素の組み換えによって

行われる。そして、環境に最も適応した個体が生き残り、子孫を残すことができる。このような自然界と個体との関係を用いて、遺伝的アルゴリズムは与えられた問題を解く。

### 2.2 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、遺伝的要素の組み換えを行うことによって次の世代の個体を作り出す。その処理手順は次のようになる。まず初めに、初期世代を生成する。一般には、決められた個体数の染色体を遺伝子プールにランダムに生成する。そして、この初期集団の各々の個体に対してその環境変化への適応度の評価を行う。このとき、環境への適応がより高い個体がより高い適応度を持つように評価する。各々の個体の適応度が決定されたら、その適応度にあわせ個体の選択確率を設定する。この場合も、環境への適応度がより高い個体ほど生き残れる確率が高いように、適応度が高い個体ほど選択確率も高くなるように設定する。その値を基に遺伝子プール内から、交叉する個体を選択する。環境への適応度が高いものほど選択される確率が高くなっているため、このステップを踏むことにより、より優れた個体が集団中に広がっていくことになる。交叉を行う個体対が決定したら、適当な確率で染色体の交叉を行う。選択された個体の染色体の一部を取ってきて子孫の染色体を作る。つまり、子孫の染色体は両親の染色体の組合せによって表される。このような交叉が終わると新しい個体(子孫)が作られたことになる。

これらの操作を、新しい個体数があらかじめ設定しておいた値になるまで繰り返す。個体数が満たされたら、次に突然変異を行う。突然変異は、ローカルミニマムに陥ってしまうことを回避するために行う処理である。突然変異も適当な確率で、ランダムに選んだ個体に適応させる。選択された個体の染色体の一部をランダムに変化させることでこれを行う。このとき、どの部分を変化させるかもランダムで決定する。突然変異が終わると、新しい個体集団が生成されたことになる。新しい世代の個体集団が生成されたら、古い世代を新しい世代に置き換える。そして、この新しい個体集団に対して、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、再び、適応度の評価、交叉、突然変異を繰り返す。これらの処理の様子を図1に示す。

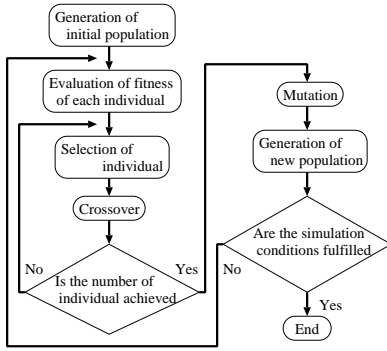


図1 遺伝的アルゴリズムの処理の流れ  
Fig. 1 The processing flow of GA.

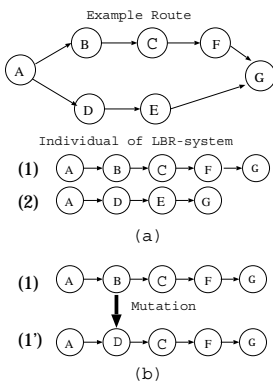


図2 LBR手法の欠点  
Fig. 2 Drawback of LBR method.

### 3. 提案手法

#### 3.1 従来手法の問題点

提案するルーティング手法では、遺伝的アルゴリズムを使用する。そのために、ネットワーク上の通信経路を個体で表現しなければならない。従来の手法 LBR (Load Balancing Routing)<sup>3),4)</sup>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場合、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。これでは能率的な遺伝的操作を行えない。また、各遺伝子が隣接する遺伝子と相互作用するため、交叉や突然変異といった遺伝的処理を複雑にする。たとえば、ある染色体部位(ノード)に突然変異を起こさせた場合、突然変異後に作られた個体は隣のノードとの位置関係を崩すことがある。この例を図2に示す。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ときに LBR 手法を

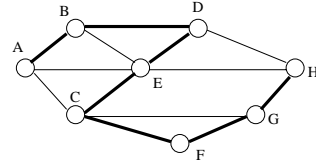


図3 ノード数8のネットワークモデル  
Fig. 3 8-Nodes network mode.

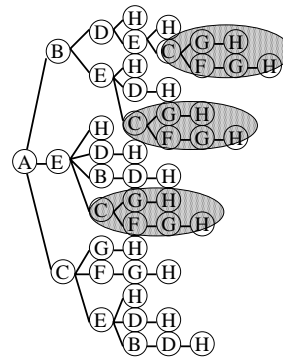


図4 ツリーモデル I  
Fig. 4 Tree model I.

用いると、図2(a)のような(1),(2)の2つの個体(ルート)が作成される。つまり、「A-B-C-F-G ルート」と「A-D-E-G ルート」である。よって、この2つ以外に個体ができあがっ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ときなどに起こりうる。(1')において「A-D-C-F-G ルート」ができあがっているが、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。また、交叉を行う際に、交叉元となる親の染色体から交叉を行う箇所をランダムに選んだ場合も、同様に致死遺伝子を持つ可能性がある。

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。また、ここに出てきたツリー表現については、次節でノード数8のネットワークモデルを用いて実際にツリー表現を行いつつ、無向グラフネットワークのツリー表現方法について説明を行う。

#### 3.2 ネットワークのツリー表現と提案手法

図3のネットワークにおいてツリー表現法を示す。出発点を「A」、目的点を「H」としたときのツリー表現は図4のようになる。ここでこのツリーの作成方

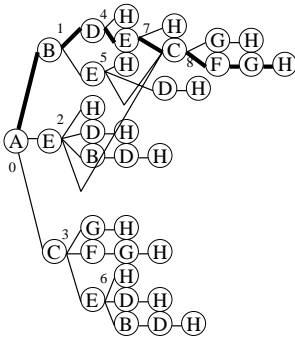


図5 ツリーモデル II  
Fig. 5 Tree model II.

0	1	2	3	4	5	6	7	8
BEC	DE	HD	GFE	HE	HDC	HDB	HC	GF
B	D			E			C	F

(a)TMR

0	1	2	3	4	5	6	7	8
B	D	-	-	E	-	-	C	F
1	1	0	0	1	0	0	1	1

(b)TMR

0	1	2	3	4	5	6	7
A	B	D	E	C	F	G	H

(c) LBR

図6 経路 [A-B-D-E-C-F-G-H]  
Fig. 6 Route [A-B-D-E-C-F-G-H].

法を説明する。まず最初に図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。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。このとき、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。このときの重複する部分とは、分岐点の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。1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)。番号のつけ方は、ある規則に基づいて行っている(後述)。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とき、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とったときの各配列番号でとりうる値(0番目においてはB, E, C)を指し、染色

0	1	2	3	4	5	6
A	B	E	C	F	G	H

A	E	B	D	H
---	---	---	---	---

A	C	E	H
---	---	---	---

図7 LBR手法の配列  
Fig. 7 LBR-array.

体とはその並びによって表される1つの配列だと考えてもらえばよい。たとえば、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。このとき、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どうしが相互作用しない(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。よって、提案手法であるTMRの場合、どんなルートをとろうとも染色体の長さが一定に保たれるのである。今回の場合、染色体の長さ(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分かる(図7)。つまり、提案手法であるTMRはどのような個体であっても染色体の長さが固定されているため、交叉などの処理を施

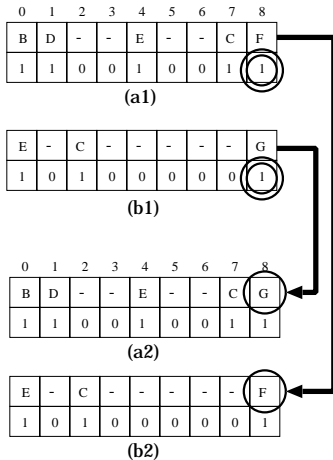


図 8 TMR 手法の交叉の例  
Fig. 8 Instance of TMR-crossing.

す場合に、染色体に含まれている遺伝子をチェックする必要はない。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こういった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という処理が必要となる。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)をチェックするという処理も必要となる。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)。このとき、同じところにフラグが立っていなければ交叉をやめる。そして、交叉を行う位置が決定したらその位置において交叉を行う。もちろん、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、その個体が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チェックするのである。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

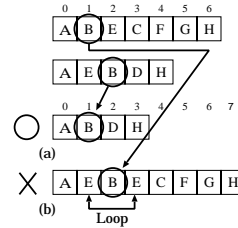


図 9 LBR 手法の交叉の例  
Fig. 9 Instance of LBR-crossing.

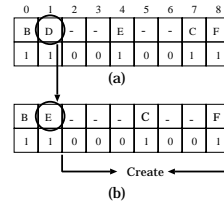


図 10 TMR の突然変異の例  
Fig. 10 Instance of TMR-mutation.

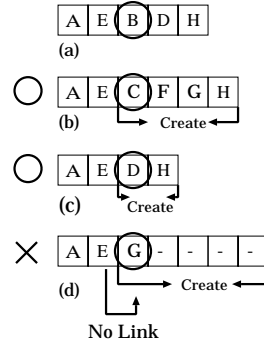


図 11 LBR の突然変異の例  
Fig. 11 Instance of LBR-mutation.

ている位置の中でランダムに位置を決定する(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、新たな個体を生成する。このとき、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生成する(図 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が実在できるものなのかチェックする必要が出てくる。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．以上より，個体が存在しうるものであるのかをチェックする処理と，無駄な個体（ルート）を作成してしまう処理の分，LBR 手法は実行時間が多くかかってしまうことになる．

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こったりす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とき，パケットを A から B まで 10 個送るとすると式 (1)，(2) より，(a) のネットワークが優秀であることが分かる．

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

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

このようなやり方をする利点は，より良いルートを探し出せることである．これは，個体が進化を行ううえでより早期に良い個体に変化できることを意味している．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．例において，各リンクごとに遅延時間（DT）と転送成功率（TSR）が表されている．「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」（式 (4)）のルートを選択する．これは，DT と TSR の比率を表しているので，小さい値を示した (4) をより良いルートとして

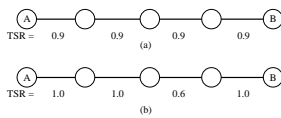


図 12 転送成功率の例

Fig. 12 Instance of transmission success rate.

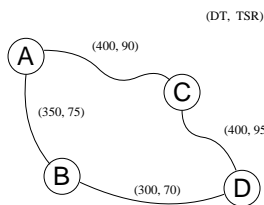


図 13 リンクに設定される品質情報の例

Fig. 13 Instance of quality information set to link.

選択している．

$$\frac{350}{75} \times \frac{300}{70} = 20.00 \quad (3)$$

$$\frac{400}{90} \times \frac{400}{95} = 18.71 \quad (4)$$

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出し，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，複数サポートした場合，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導かれている．

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

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．式からも分かるように，総合値は遅延時間と転送成功率の比率により決定されている．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，その最適な通信路上に急激な輻輳状態を起し，各々のアルゴリ

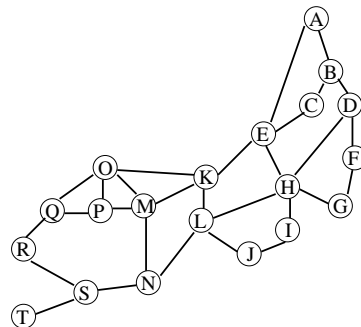


図 14 ノード数 20 のネットワークモデル

Fig. 14 20-nodes network model.

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）でランク付けしていったとき 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 世代としている。個体集団の世代が進化する際に新しく産み出される個体の数は 10 個としている。つまり、初めにランダムで 10 個の個体を生成した後、次の世代へ移り変わるときにその 10 個の個体から新たに 10 個の個体を生成するということである。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。比較を行う場合のすべてのパラメータは同じものに設定し、初期世代の個体集団もまった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ときの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 は解を得るまでに行った世代数の平均値、GOTA は遺伝的処理にかかった平均実行時間（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は LBR 手法よりも TMR 手法の方が短いことが分かる。これは、TMR 手法と比べ LBR 手法は遺伝的操作が複雑になっているためである。すなわち、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

表 1 2つの手法の性能評価

Table 1 Evolution of an individual.

Two Quality Support (DT, TSR)

	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

(b) Single Quality Support (DT)

	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

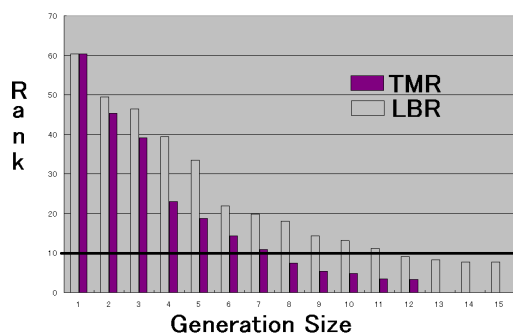


図 15 2つの手法の進化の比較

Fig. 15 Comparison of evolution of two techniques.

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 手法の方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。また、参照する個体の数が少ないため、探索する経路の数が少なくすむ。さらに、最終的に見つけたルートのランクに注目すると（表 1 の TA）、TMR 手法のランクの方が若い世代にもかかわらず良い値をと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 世代進化時のランク上昇率が LBR 手法よりも高くなるからであると考えられる。このランク上昇率の違いは、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ランクにも影響を出しているものと考え

られる．このことから，TMR 手法の方が LBR 手法よりも優れているといえる．

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処理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，品質を複数にしたときでも，単品質のときと同じように総合値という単体が批評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．ただし，これは「遅延時間」と「転送成功率」という，比較的類似した品質を考慮している場合に限る．たとえば「遅延時間」と「通信コスト」のように，どちらかが良いときもう一方が悪い値を指すような品質を考慮した場合，本シミュレーションでは両品質のバランスが良いものが最適解となる．つまり，相反する品質（遅延と通信コスト）を適用した場合，遅延や通信コストの最小ルートを求めるのには適していない．また，総合値を求めるために余計な計算を強いられたため，品質を増やしていくほど徐々に実行時間は増加していくと考えられる．

しかし，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比べ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．また，ユーザ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．たとえば，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おくことでユーザのニーズに応えることが可能となる．また，ファイル転送などのパケットロスが許されないケースでは，遅延時間の拘束を緩くしてやり，転送成功率の方に重みをおくといった条件をつけてやることで，ニーズに応えることが可能となる．よって条件付きではあるが，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．

## 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．さらに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あげる．

- 従来手法である LBR 手法よりも遺伝的処理速度

が速い．

- 条件付きだが品質を複数サポートしている．
- 探査効率が良く，ネットワークにあまり負荷を与えない．

今後の課題として，ツリー作成の自動化および相反する品質をサポートできるようにアルゴリズムを改良していく予定である．

## 参考文献

- 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) Chen, S. and Nahrstedt, K.: An Overview of Quality of Service Routing for Next-Generation High-Speed Networks: Problems and Solutions, *IEEE network*, pp.64-79 (1998).
- 3) 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).
- 4) 棟朝雅晴, 高井昌彰, 佐藤義治: 遺伝的アルゴリズムによる負荷分散機構を有する適応型ルーティング, 情報処理学会論文誌, Vol.39, No.2, pp.219-226 (1998).
- 5) 平野広美: 遺伝的アルゴリズムプログラミング, パーソナルメディア株式会社 (1998).
- 6) Barolli, L., Motegi, S., Koyama, A., Taketa, T. and Yokoyama, S.: An Adaptive Routing Method for High Speed Networks using Genetic Algorithms, *Proc. ISPACS'98*, pp.711-715 (1998).
- 7) 河野圭太, 益田智員, 木下和彦, 村上孝三: 複数の QoS を考慮したサービス情報検索方式, 電子情報通信学会論文誌, Vol.J84-B, No.3, pp.443-451 (2001).
- 8) 浅谷耕一: 新しい通信品質の考え方—マルチメディアと GII 時代へ向けて, 電子情報通信学会誌, Vol.81, No.9, pp.924-931 (1998).

(平成 13 年 6 月 1 日受付)

(平成 13 年 9 月 12 日採録)



松本 和謙

2001 年 3 月会津大学コンピュータソフトウェア学科卒業．現在，会津大学大学院コンピュータ理工学研究科博士前期課程在学中．高速ネットワークの経路制御，遺伝的アルゴリズムに関する研究に従事．





小山 明夫 (正会員)

1987年山形大学工学部情報工学科卒業。山形大学工学部文部技官を経て、1999年4月会津大学コンピュータソフトウェア学科講師。工学博士。高速ネットワークプロトコル、ネットワークエージェント、ネットワークの経路およびトラフィック制御、遠隔教育に関する研究に従事。IEEE Computer Society, 電子情報通信学会各会員。



程 子学 (正会員)

1993年東北大学工学部博士後期課程修了。1993年から1999年3月まで会津大学コンピュータソフトウェア学科講師。1999年4月同助教授。工学博士。プロトコルの合成および実装、分散アルゴリズム、ネットワークエージェント、遠隔教育の研究に従事。情報処理学会論文誌編集委員。IEEE, ACM, 電子情報通信学会各会員。



パロリ レオナルド (正会員)

1989年アルバニア・ティラナ大学工学部電子工学科卒業。同年同大学工学部助手。1997年山形大学大学院博士後期課程修了。同年同大学工学部日本学術振興会外国人特別研究員。1999年山形大学人文学部助手。工学博士。ATMネットワークのトラフィック制御、ファジィ制御、遺伝的アルゴリズム、協調エージェントに関する研究に従事。情報処理学会論文誌編集委員。ファジィ学会会員。

---