

## 遺伝的アルゴリズムを用いた光パス設定法の検討

釘本 健司

NTT 未来ねっと研究所

次世代の広帯域ネットワークを実現する技術として WDM (Wavelength Division Multiplexing) が注目されている。この WDM と光スイッチを組み合わせることにより構成される WDM フォトニックネットワークでは、物理トポロジの上に仮想トポロジ (論理トポロジ) が構築できる。仮想トポロジを動的に再構成することができれば、各ノードの負荷や輻輳、遅延、故障など、その時々状況に応じて効率的にネットワークを運用することができる。しかし、単一のファイバに収容できる波長数には限りがあるため、仮想トポロジの構成にも制約がある。この制約の範囲内で、効率的な仮想トポロジを構成するための光パスの設定を決定することが必要となる (光パス設定問題)。この光パス設定問題は NP 困難であり、比較的小さな規模のネットワークでも現実的な時間で解くことが困難である。本稿では、ネットワーク全体の遅延を最小化することを目的として、遺伝的アルゴリズム (GA: Genetic Algorithm) を適用して光パス設定問題を解く手法を提案し、計算機によるシミュレーションを通して評価する。

### An optical path configuration method based on genetic algorithm

Takeshi Kugimoto

NTT Network Innovations Laboratories

#### 1 はじめに

近年、インターネットの普及とマルチメディアコンテンツの増大に伴って、慢性的な輻輳が発生し、広帯域ネットワークへの要求が高まっている。しかし、ネットワークが高速になるのに伴い、遅延がスループットに与える影響も大きくなり、ルータの packets フォワードにかかる遅延や光電気変換による遅延も無視できなくなる。

WDM (Wavelength Division Multiplexing) は単一の光ファイバに波長を多重することのできる技術であり、これまでの数百倍から数千倍の帯域の信号を扱うことができる。また WDM は、光スイッチとの組合せることにより、波長を処理単位とするパスをもつ WDM フォトニックネットワーク (WDM PN: WDM Photonic Network) を構成できる。WDM PN では各ノードのスイッチにより光パスを自由に設定することができるため、物理的なトポロジにかかわらず、光パスを論理的なリンクとするメタなネットワークを構築できる。すなわち、WDM PN では、物理トポロジの上に仮想トポロジ (論理トポロジ) を構築できる (図 1)。これは任意の二つのノード間を直接繋げることができることを意味し、信号の光電気変換処理や IP 層におけるルーティング処理にともなう遅延を小さくすることができる。また、ネットワークの状況に応じて動的に再構成することができれば、その時々状況に応じてネットワークのリソースを有効に使うことでネットワークを運用することができる。

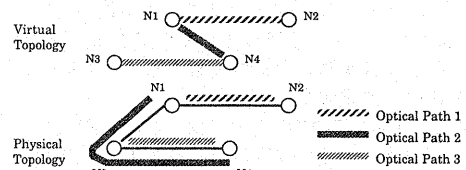


図 1: 物理トポロジと仮想トポロジ

WDM PN を使って全てのノード間をフルメッシュで接続できれば、光電気変換にかかるコストを最小にできる。しかし、現在の WDM 技術では、単一ファイバに収容できる波長は数十波長から数百波長程度であり、仮想トポロジの構成には制約がある。そこで、この制約の範囲内で波長を光パスに効率的に割り当てる組合せを求めることが必要となる。すなわち、これは波長割当問題をとまなう光パス設定問題である。ところが、この光パス設定問題は NP 困難であり、比較的小さな規模のネットワークでも現実的な時間で解くことが困難である [1]。そこで、遺伝的アルゴリズム (GA: Genetic Algorithm) のような Heuristic な戦略をもつアルゴリズムを用いる必要がある。

本稿では、まず WDM PN について述べ、この光パス設定問題を定式化し、次に準最適解を求めるアルゴリズムとして GA を適用した手法を提案し、最後に

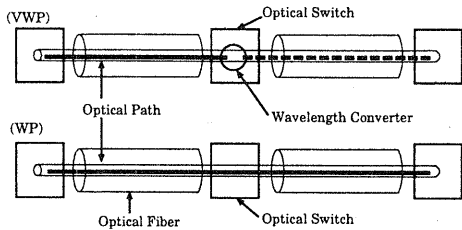


図 2: VWP と WP

計算機によるシミュレーションを通して評価する。

## 2 WDM フォトニックネットワーク

WDM PN において光パスの実現技術として、WP (Wavelength Path) と VWP (Virtual Wavelength Path) の二つがある (図 2)。WP は光パスの途中で波長変換を行わない方式であり、VWP は光パスの途中で波長変換を行うものである。

VWP は同一ファイバ上で各々の光パスに対して異なる波長を単純に割り当てればよいのに対し、WP では光パスの両端点に渡って同一波長を割り当てなければならないため、同一光ファイバ上では同一波長の WP が収容されないように波長を割り当てる必要がある。すなわち、WP の方が波長割当にかかる制約が大きい。一方、WP は VWP と違い、波長変換を行うためのモジュールを必要としないため、ノード装置にかかるコストを下げるができる。本稿では WDM PN 実現のための技術として、コストの少ない WP を想定する。

本稿で想定する WP 方式では、各ノードにおいて IP ルータと WDM 装置および光スイッチが図 3 のように接続され、光信号をそのまま経路づけて通過させるか (光交換)、IP ルータによって電氣的に経路づけをおこなうか (パケット交換) を選択できる。

## 3 光パス設定問題の定義

本稿では、光パス設定問題を以下のように定義する。すなわち、各ノード間の遅延の総和が最小となり、かつトラフィックの多いストリームのホップ数が小さくなるように、光ファイバの収容波長数を超えない範囲で、光パスの設定の組合せを決定する問題とする。以下では詳細について述べる。

### 3.1 ネットワークの定義

本稿で扱うネットワークを以下のように定義する。ネットワークはノードとリンクから構成される。ノードは名前と数値から成る。数値は 0 以上で、この数値をノード遅延と呼ぶ。また、リンクとはノード 2 つと数値一つからなる集合であり、二つのノードには方向

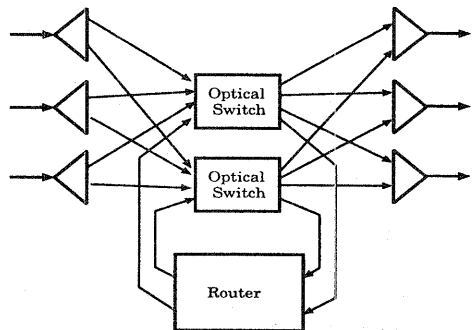


図 3: ノードの構成

は無いものとする。数値は 0 以上の値を持ち、リンク遅延と呼ぶ。2 つ以上のノードから成る列をパスと呼ぶ。ここでは方向は考えない。パスの隣り合うノードからなるリンク (パス内のリンクという) は、与えられたリンク集合中に存在しなければならない。また、パス上に同じノードが二つ以上存在してはならない。パスに波長が割り当てられると、パスは通信可能であるという。パス P1 と P2 があるとき、P1 と P2 に同一のリンク (共有リンクと呼ぶ) が存在しない場合に、同じ波長を割り当てることができる。パス P1 と P2 に共有リンクがある場合には、異なる波長を割り当てることで P1 と P2 は同時に通信可能となる。2 つのノードの間が 1 つ以上の通信可能なパスで結ばれるとき、2 つのノードは到達可能であるという。この時のノードの列を到達可能パスという。パス遅延と通信可能パスを接続するノードの遅延の和を到達可能パスの遅延と呼ぶ。ここでパス遅延とは、パス内のリンク遅延の和である。ネットワーク中の到達可能パスの遅延の総和を全遅延と呼ぶ。また、通信を行いたい二つのノードと数値からなる集合を目標対と呼ぶ。数値はノード間のトラフィックをあらわす。

### 3.2 問題の定式化

ネットワークに対し、以下を目標として波長を割り当てる。ノードの集合とリンクの集合、パスの集合、目標対の集合が与えられたときに、できるだけ多くの目標対を直接到達可能にするように波長を割り当てる。また、ネットワーク全体の遅延が最小化、特にトラフィックの多いパスの遅延を最小化することを目標とする。

ここで波長数は  $m$  以下とする。ノード数を  $i$  とし、波長数  $m$  を無限大と仮定すれば、最短パスに限っても、パスは  $\frac{i!}{2^{(i-2)!}}$  個ある。すべてのパスの数はこれを大きく上回る。しかし、パスはポリシー等によって決められるべきものであり、前もって与えられてい

るものとする。いま、あるネットワークに対して可能なパスが  $n$  個与えられるとし、各々のパスに対して任意に波長を割り当てられるとすると、その組合せは  $2^n$  通りある。この組合せの中で最適解とは、後述する評価関数の値が最小になるパスの組合せとなる。また、このとき全てのパスは、波長数の制限範囲内で波長を割り当てられなければならない。しかし、問題の規模に対して組合せの規模が指数的に大きくなるため、その組合せを求める問題は NP 困難であり、現実的には準最適解を求めることになる。なお、選択された光パス群に最小の波長数で波長を割り当てる問題も NP 困難であることが知られているが、本稿では単純な逐次着色法 (Sequential Graph Coloring)[2] を用いることとし、波長数の最適化 (最小化) については追求しない。

## 4 GA の適用

前節で述べた光パス設定問題を解くために、以下のように GA を構成する。

### 4.1 遺伝子表現とアルゴリズム

遺伝子  $gen$  を、目標対に対応する数字の列で表現する。数字は、それぞれの目標対を直接結ぶパスの候補番号を表し、対応する目標対を結ぶパスが選ばれていなければ 0 最短パスが選ばれていれば 1、それ以外の冗長パスが選ばれていれば 2 以上の数字で表現される。ここで最短パスとは、ある目標対を結ぶパスのなかで最もホップ数が短いものであり、冗長パスとは最短パス以外のものである。こうしてできた遺伝子には評価値がつけられるものとする。

遺伝子を並べたものをプールと呼ぶ。  $X$  は世代番号とし、プール内の遺伝子の個数を  $N[X]$  とする (以後  $NX$ )。操作はプールの各々の遺伝子が高価値となるように、プールに対して行われる。第  $X$  世代のプールを  $gen[X][0] \dots gen[X][NX-1]$  と表す。

### 4.2 アルゴリズムの基本構成

#### (初期化)

アルゴリズムでは、まずノード集合、リンク集合、光パス集合、目標対集合などの必要なデータを読み込む。このとき、これらのデータに整合性があるかどうかチェックする。例えばリンクを構成するノードが、与えられたノード集合の中に存在するかどうか、また光パスで使用されているリンクが与えられたリンク集合の中に存在するかどうか、データ形式は正しいかどうかなどをチェックする。データの整合性のチェックが終了したら、次に遺伝子プールを初期化する。遺伝子には要素列にランダムな値が与えられる。ただし、全ての遺伝子は互いに異なっているものとする。

これ以降のアルゴリズムは 1 世代の進化が 3 段階の操作からなる。第 1 段階でプール内の遺伝子を評

価値の昇順にソートする。第 2 段階は交叉、第 3 段階は突然変異である。

#### (第 1 段階：評価)

まずこのプール中の遺伝子の評価値を計算する。ここで、波長数  $m$  では波長割当が不可能となる遺伝子を取り除く (淘汰)。その後、遺伝子を評価値の昇順にソートする。

#### (第 2 段階：交叉)

交叉とは、親  $P[X]$  を  $gen[X][i], gen[X][j] (i \neq j)$  とするとき、親  $P[X]$  から  $gen[X+1][2] \dots gen[X+1][NX-1]$  を作ることである。  $P[X]$  は価値の高い遺伝子が親になる確率が高くなるように選ばれる。こうして選んだ親  $P[X]$  から交叉位置  $C$  を境として新たな遺伝子を作る (図 4)。

交叉位置とは遺伝子の任意の点 (両端は除く) である。交叉位置で前部と後部に分け、  $P[X][i]$  の前部と  $P[X][j]$  の後部を連結して新たな遺伝子をつくる。このようにして新たな遺伝子を  $NX-2$  個作る。作った遺伝子を  $gen[X+1][2] \dots gen[X+1][NX-1]$  に置く。また、本アルゴリズムではエリート保存戦略 (Elitism) を取り、プールの残り 2 個の遺伝子として、現代での最も価値の高い遺伝子を 2 個残すこととし、  $gen[X+1][0] = gen[X][0], gen[X+1][1] = gen[X][1]$  とする。一般に、このようなエリート保存戦略をとる理由は、せっかく得られた良い遺伝子が交叉や突然変異によって失われることを防ぎ、また良い遺伝子の周辺を集中的に探索することで効率化を図るためである。

#### (第 3 段階：突然変異)

$[0 \dots 1]$  の値を持つ突然変異率  $V$  が与えられたとき、  $gen[X+1][0] \dots gen[X+1][NX-1]$  の各々の遺伝子に対して、  $[0 \dots 1]$  の乱数  $R_i$  をつくり、  $R_i \leq V$  であれば、  $gen[X][i]$  についてランダムに選んだ遺伝子上のパスの番号を変化させる。

#### (終了判定)

このアルゴリズムがなにを目標にするかによって、終了条件の設定は変わる。限られた時間内に解が欲しいのであれば、経過時間を終了条件とすればよいし、よりよい解を得たいのであれば、最大波長数に制限がないときの評価値を基準値とし、得られた評価値との差を調べるなどすればよい。本稿では、実行時に与えられた世代数を経過することを計算の終了条件としている。

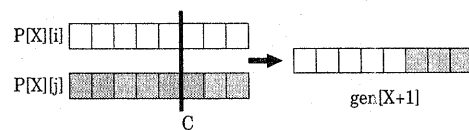


図 4: 遺伝子の交叉

### 4.3 評価関数と制約条件

既に述べたように、本稿での光パス設定問題では、ネットワーク全体の遅延の最小化、特にトラフィックの多いパスの遅延を最小化することが目標としている。そこで、この目標を数値として表現する評価関数を以下のように定める。

$D_i, T_i$  を、それぞれ目標対  $i$  において選択された到達可能パスの遅延とトラフィックを表すものとするとき、この問題の評価関数は次式のようになる。

$$\min \sum D_i \times T_i \quad (1)$$

この評価関数の値が小さくなるほど、遺伝子は高価値であるとする。また、各々の光ファイバリンク  $i$  においては、波長数  $Wn_i$  が  $m$  以下でなければならない。

$$Wn_i \leq m(\forall i) \quad (2)$$

この評価関数と制約条件をもとに、以下ではシミュレーションによる評価を行う。

## 5 シミュレーション

最も全遅延(評価値)の小さくなる組合せを求めるために、シミュレーションプログラムを LISP で作成した。シミュレーションは Pentium III 800MHz の PC で行い、LISP システムとして FreeBSD 上で動作する TAO/ELIS[3] を用いた。

### 5.1 計算条件

シミュレーションで用いたネットワークを図 5 に示す。日本全国の主に県庁所在地である 56 都市をノードとし、このノード間を 85 のリンクで結ぶネットワークである。リンクの長さは、ノードの地図上の緯度と経度からノード間の直線距離として与える。

リンクは波長多重可能な光ファイバケーブルであり、波長数  $m$  は 100 とする。一波長で伝送可能なトラフィックは無制限とする。また、ファイバ中の光速度は  $2 \times 10^5 \text{ km/s}$  とし、各ノードでのフォワーディングの遅延(ノード遅延)は  $10 \mu\text{s}$  とする。ただし、プログラム内部の計算の都合上、以下では遅延をファイバ中を信号が進む距離で表す。例えば、 $10 \mu\text{s}$  の遅延は  $20 \text{ km}$  に相当する。したがって、式(1)で表される評価関数の単位は  $\text{bps} \cdot \text{m}$  となる。また、適当なトラフィックデータが得られなかったため、都市間のトラフィックを各都市の総生産の積から決定した。例えば、東京-大阪間のトラフィックは約  $286 \text{ Mbps}$ 、東京-名古屋間は約  $208 \text{ Mbps}$  などのようにした。

初期状態では、ノードを通過するような光パスは張られていないが、各ノードを結ぶ物理リンク上にはリンクの両端を端点とする光パスが既設であるため、任意の二つのノード間は IP ルータを介して到達可能である。

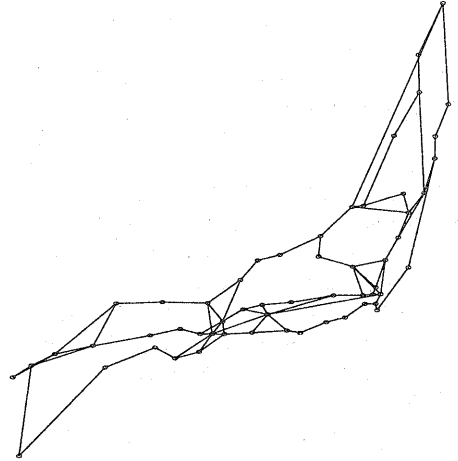


図 5: 日本のバックボーンネットワーク

### 5.2 実験結果および考察

シミュレーション結果および考察を以下に述べる。いずれのシミュレーションでもプール中の遺伝子数は 50 個とし、2000 世代のシミュレーションを行った。

#### 5.2.1 初期遺伝子と収束性

図 6 の破線は、初期遺伝子をランダムに与えたときの世代の進捗と評価値の関係を表している。ここで突然変異率は 0.3 とし、与えられる光パスは各目標対を結ぶ最短パスのみとした。この結果、最良の評価値として  $41545 \times 10^{12} \text{ bps} \cdot \text{m}$  が得られた。シミュレーションの実行には約 4 日を要した。評価値は最初は急激に下がるが、世代の経過につれて降下率は小さくなっていく。こうして得られた評価値が最適解の評価値にどの程度近いのかを言うことはできない。しかし、判定のための何らかの指標は必要である。そこで、以下のように評価値が取り得る範囲に対する最小値との差を指標とする。まず、全ての光パスに波長を割り当てられると仮定すると、ノード遅延はなくなるため評価値は最小となり、 $41249 \times 10^{12} \text{ bps} \cdot \text{m}$  である。このとき必要波長数は 324 である。また、ノードを通過する光パスがないときに評価値は最大となり、 $48059 \times 10^{12} \text{ bps} \cdot \text{m}$  となる。このとき必要波長数は 1 である。最大値と最小値の差は  $6810 \times 10^{12} \text{ bps} \cdot \text{m}$  であり、最適解の評価値はこの範囲にある。図 6 の破線で得られた解と最小値との差は  $296 \times 10^{12} \text{ bps} \cdot \text{m}$  であり、これは評価値の取り得る範囲の 4.34% である。以下では、このようにして求めた値を対全遅延率と呼ぶ。

図 6 の破線のシミュレーションでは、初期遺伝子をランダムに与えているため、波長数の制約条件を満たす遺伝子が少なく、解を見付けにくいと考えられる。

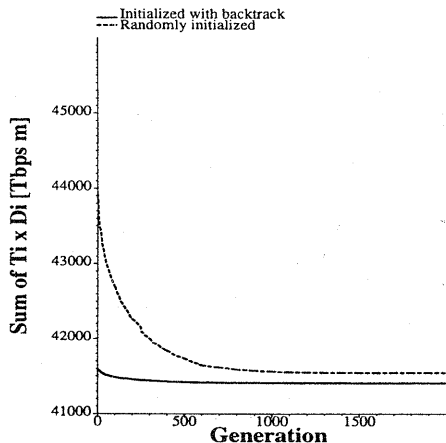


図 6: 初期遺伝子と収束性

そこで、さらに良い評価値を得るために、アルゴリズムに改良を加え、初期化時に制約条件を満たす遺伝子をあらかじめ混入しておくことにした。プール中の10%の遺伝子をバックトラック法で探索した解を使って初期化する。ここで、バックトラック法とは以下のようなものである。まず、トラフィックの多い順に目標対を並べる。次に、この順番で目標対に対応する光パスを次々に選択する。実行時間の短縮のため、このとき評価値の計算は行わず、選択された光パスの組合せが波長割り当て可能かどうかだけを検査する。こうして光パスを次々に選択した時に必要波長数が最大波長数を超えたら、一つ前の選択された光パス集合を初期遺伝子として保存する。最大波長を超えたときの光パスを選択せず、その次の光パスを選択する。これを必要回数繰り返して初期遺伝子の10%をつくる。

この初期化アルゴリズムを用いてシミュレーションを行って得られたグラフが図6の実線である。評価値は  $41408 \times 10^{12} \text{bps} \cdot \text{m}$ 、対全遅延率は2.33%であり、初期遺伝子を全てランダムに与える場合に比べてより小さい値が得られた。この結果からバックトラック法により初期遺伝子を与えることの有効性が確認できる。

### 5.2.2 冗長な経路をもつ光パスの導入

図6のシミュレーション結果を解析したところ、特定のリンクに波長が集中していることが分かった。パス集合の要素は全て最短パスであるためである。パスが特定のリンクに集中しないようにすれば、より多くのパスを設定することができ、結果的に評価値をより小さくできると可能性がある。そこで、波長の集中しているリンクを通らないような光パスを光パス集

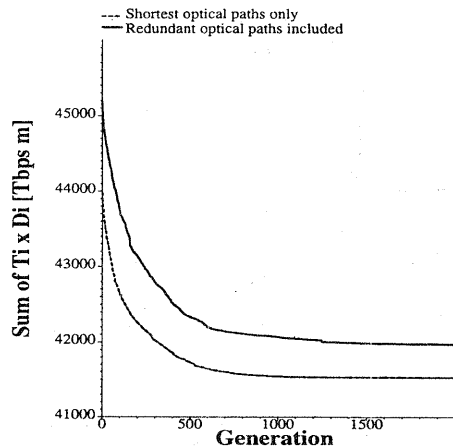


図 7: 冗長パスを追加したときの効果

合に追加して与えた。このようにして新たに与えた光パスを冗長パスと呼ぶ。こうして新たに作成したデータを元にシミュレーションを行った結果を図7に示す。破線は最短パスのみを与えた場合、実線はさらに冗長パスを与えた場合の評価値の推移である。いずれも初期化アルゴリズムにバックトラック法を用いていない。パス集合の要素として最短パスだけを与えた場合の評価値は  $41545 \times 10^{12} \text{bps} \cdot \text{m}$ 、対全遅延率は4.34%である。一方、冗長パスを追加したものの評価値は  $41973 \times 10^{12} \text{bps} \cdot \text{m}$ 、対全遅延率は10.63%となり、最短パスのみを与えた場合に比べて対全遅延率は却って大きくなった。これは、パス集合の要素数が約2倍になってしまったために解空間が広がってしまい、波長数の制約を満たす解を探しにくくなってしまったためと思われる。

### 5.2.3 突然変異率と解の収束性

突然変異率と評価値の収束の程度の関係を調べるために、突然変異率を0.1から0.9まで0.2刻みで変化させてシミュレーションを行ったところ、図8の結果が得られた。初期化アルゴリズムにはバックトラック法を用いた。図から突然変異率を0.3以上にしても収束の程度に大きな違いがなく、シミュレーションでは突然変異率0.3で十分であることが分かる。

### 5.2.4 エリート保存戦略の効果

エリート保存戦略がどの程度有効に機能しているかを調べるために、エリート保存戦略を取る場合と取らない場合のそれぞれについて、突然変異率は0.3としてシミュレーションを行った(図9)。初期化アルゴリズムにはバックトラック法を用いた。初期の段階では解の収束が若干早いだが、2000世代経過後の結果については、エリート保存戦略をつかうことによる

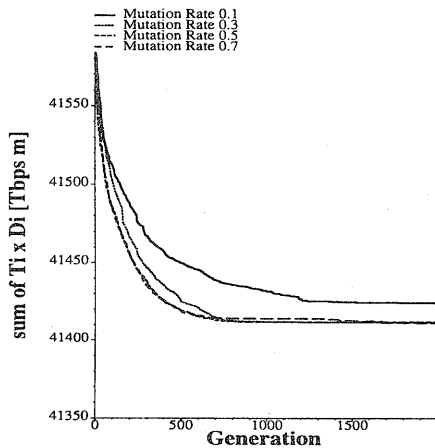


図 8: 突然変異率と収束

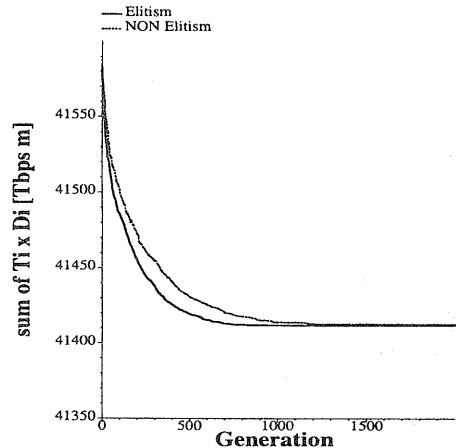


図 9: エリート保存戦略の効果

有意な差は見られなかった。

### 5.2.5 バックトラック法との比較

遺伝的アルゴリズムの有効性の検証のため、5.2.1節で遺伝子の初期化に用いたバックトラック法のみを用いたプログラムを作成して解の探索を行い、両者の比較を試みた。バックトラック法だけのプログラムでは、実行開始から1時間後には、評価値  $41414 \times 10^{12} \text{bps} \cdot \text{m}$ 、対全遅延率 2.42% が得られた。遺伝的アルゴリズムを用いた場合には、同じ程度の評価値を得るのに 650 世代 (1 日強) を必要とし、バックトラック法を用いた方が早期に解が収束することが分かる。しかし、バックトラック法では、この評価値が得られた後は数日に渡って探索を続けても、さらに小さな評価値を得ることはできなかった。バックトラック法は、探索の順番を考慮してはいるが、全探索手法の一種であるためと考えられる。一方、遺伝的アルゴリズムを用いた手法では、世代の進捗とともに、わずかずつではあるがさらに良い評価値が得られる。遺伝的アルゴリズムを用いた解法では解の収束には最低でも数日を要するため、短期的なネットワークの状況変化に対応したきめ細かい制御はできないが、一週間から一ヶ月程度の間隔で制御を行うことは可能であり、本手法によりネットワークの運用を有効に行い得ると考えられる。

## 6 おわりに

本稿では、全遅延を最小化することを目的とする光パス設定問題を解くアルゴリズムとして GA を取り上げ、問題への GA の適用手法を提案した。また、実際のネットワーク規模のデータを用いた計算機シミュレーションを通して、初期遺伝子の違いが解に与

える影響、突然変異率パラメータの効果、エリート保存戦略の有効性、バックトラック法との比較について評価した。この結果、遺伝的アルゴリズムを用いた手法は単純なバックトラック法のみを用いた手法よりもより良い解を得られることが分かった。

本稿で提案した手法を用いて得られた光パスの設定を実際のネットワークに適用する場合には、できるだけユーザーの通信に影響を与えないような手順で光パス設定を段階的に変更していく必要がある。今後はそのような手順を追求する予定である。また、計算時間の短縮を目標とし、遺伝的アルゴリズム以外の手法を使った光パス設定問題の解法について検討する予定である。

## 参考文献

- [1] 岡本聡, 渡辺篤, 長津尚英: フォトニックネットワークにおける網設計および管理技術, *NTT R&D*, Vol.49, Jan, 2000
- [2] B.Mukherjee: *Optical Communication Networks*, McGraw-Hill, 1997.
- [3] 天海良治: TAO/ELIS の UNIX への移植, 情報処理学会プログラミング研究会, 17-5, 1998.
- [4] 電気学会編: *遺伝的アルゴリズムとニューラルネットワーク*, コロナ社, 1998.