

# 다중의 QoS 제약 조건을 고려한 확률 모델 기반의 멀티캐스트 라우팅 알고리즘

오상현 · 황용수 · 전태균 · 정희철 · 변원민 · 전문구\*

A Probability Model based Multicast Routing Algorithm with Multi-QoS Constraints

Sanghoun Oh · Yongsoo Hwang · Taegyun Jeon · Heecheol Jeong · Wonmin Byeon · Moongu Jeon

## 요 약

본 논문에서는 다중의 Quality of Service (QoS) 제약조건(bandwidth, 경로지연시간)을 만족하는 탐색점 분포 학습 알고리즘 기반의 멀티캐스트 라우팅 알고리즘을 제안한다. 제안 알고리즘은 주어진 QoS 제약 조건을 만족하면서, 하나의 출발지로부터 다수의 목적지들까지 최적 경로를 구성하는 것이다. 제안 알고리즘에서는 출발지로부터 각 목적지까지의 부분 경로들로 염색체를 부호화 하였다. 부호화된 경로들의 정보를 바탕으로 하여 확률 기반 테이블을 생성한다. 이렇게 구축되어진 테이블을 기반으로 하여 새로운 경로를 생성한다. 실험 결과를 통하여 제안 알고리즘은 기존 유전자 알고리즘을 사용한 접근방식보다 멀티캐스트 라우팅에 대해 최적성 및 수렴 성능에서 더 우수한 성능 보였다.

## ABSTRACT

This paper presents a probability model based multicast routing algorithm guaranteeing Quality of Service (i.e., bandwidth and delay variant). The aim is to discover the minimal spanning tree (MST) from a source to multiple destinations using estimation of distribution algorithm. Each locus consists of a possible path from a source to each destination without repeating any node in the chromosomes. From each chromosome (i.e., path), we build a probability vector which represents the frequency of sub-path. The proposed algorithm reproduces the offspring from the probability vector. Experimental results show that the proposed probability model based algorithm outperforms other genetic algorithms.

## Keyword

Multicast Routing Algorithms, Quality of Service, Probability vector, Estimation of Distribution Algorithm

---

\* 광주 과학 기술원 (GIST)

## I. 서론

멀티캐스트 라우팅 알고리즘 (Multicast Routing Algorithm: MRA)이란, 출발지에서부터 다중의 목적지들까지 데이터를 동시에 전송할 수 있는 기법을 말한다[3]. Internet, Mash Network, 또는 Mobile Ad-hoc Network와 같은 다중-홉의 네트워크에서는 출발지로부터 다중 도착지들 간의 최적 경로를 탐색하는 멀티캐스트 라우팅 알고리즘은 시스템의 지연 및 수율 성능을 직접적으로 결정하는 매우 중요한 기술 요소이다. 멀티캐스트 라우팅 알고리즘은 최적의 경로를 탐색함에 있어서, 동시에 Quality of Service (QoS) 제약 조건을 만족해야 한다[2, 3]. 이러한 QoS 제약 조건을 갖는 멀티캐스트 라우팅 알고리즘 (QoS-MRA)은, e-learning, on-demand video, video broadcasting, multimedia teleconference, 그리고 massive mailing등의 다양한 서비스 등에 사용된다.

일반적으로 멀티캐스트 라우팅 문제의 해결 기법으로 다차 시간 알고리즘(polynomial time algorithm)과 발견적 학습 기법 알고리즘(heuristic algorithm)을 사용한다. 멀티캐스트 라우팅 문제는 NP-hard 문제로 분류되며, 최적의 해를 도출할 수 있는 다차 시간 알고리즘을 찾는 가능성이 매우 희박하다. 반면에 멀티캐스트 라우팅 문제에서 발견적 학습 기법 알고리즘을 통하여 최적에 근접한 경로를 탐색함에 있어 우수한 성능을 나타내지만, 대부분의 발견적 학습 기법 알고리즘들은 단조로운 네트워크 토폴로지를 기반으로 하고 있다는 한계점이 존재한다. 이러한 문제점들을 극복하기 위하여 몇 가지 제약 조건을 추가로 고려하여 최적의 해를 도출한다.

최근에는 QoS 만족하면서 다중 라우팅 경로를 제공하는 멀티 캐스팅 알고리즘 (QoS-MRA)들이 제안되고 있다. QoS-MRA는 출발지에서 다중의 목적지들까지 최적의 경로를 구성함에 있어서 다중의 QoS 제약 조건 (예, bandwidth, 평균 지연 시간, 경로 지연 시간 및 데이터 전송 성공률 등)을 동시에 만족하도록 설계한다[3]. 예를 들어,

bandwidth와 경로 지연 시간 또는 데이터 전송 성공률과 평균 지연 시간 등을 상호 결합하여 최적의 경로를 구성한다.

본 논문에서는 발견적 학습 기법 알고리즘의 일종인 탐색점 분포 학습 알고리즘을 기반으로 bandwidth와 경로 지연 시간을 QoS 제약 조건으로 사용하여 (Multi-)QoS-MRA를 설계하였다.

본 논문의 구성은 다음과 같이 구성된다. II 장에서는 탐색점 분포 학습 알고리즘을 간략히 소개한다. 그리고 III장에서는 제안하는 멀티캐스트 라우팅 알고리즘에 대하여 기술하고, IV 장에서는 다양한 네트워크 환경에서 모의실험을 통한 제안 알고리즘의 성능을 비교 분석한다. 마지막으로, V 장에서는 결론을 맺는다.

## II. 탐색점 분포 학습 알고리즘 (Estimation of Distribution Algorithm: EDA)

탐색점 분포 학습 알고리즘(EDA)이란 데이터의 분포의 분석을 통하여 생성된 확률 벡터를 통하여 새로운 학습 데이터를 생성하는 과정을 통하여 최적화 문제를 해결하는 기법이다[4,5]. 탐색점 분포 학습 알고리즘은 기존에 진화 알고리즘과는 다른 방식의 학습 방법을 사용한다[1]. 예로, 유전자 알고리즘(Genetic Algorithms)의 경우 부호화 되어진 유전자를 유전 연산자인 교배(Crossover)와 돌연변이(Mutation)를 이용하여 해의 탐색 공간을 확장한다. 하지만 탐색점 분포 학습 알고리즘의 경우 주어진 데이터의 분석을 통하여 생성된 확률 벡터를 통하여 새로운 염색체를 생성하는 과정을 통하여 최적의 해를 생성한다. 이 알고리즘의 경우 진화 알고리즘들 보다 해의 수렴 속도가 빠르며, 염색체에 의존하여 해의 탐색 공간이 국한되지 않으므로 해의 탐색 공간의 확장성에서 용이하다.

## III. 제안 QoS-멀티캐스트 라우팅 알고리즘

### 3.1 문제의 정식화 (Problem Formulation)

일반 네트워크에서는 출발지 노드  $s$ 부터 목적지 노드들  $D$ 까지의 멀티캐스트 라우팅 문제는  $|V|$ 개의 노드(node)와  $|E|$ 개의 간선(link)을 가진

가중치 무방향성 그래프(weighted and undirected graph) 형태로 표현된다. 각각의 간선에 가중치(weight)는 한 정점에서 다른 정점까지의 거리나 한 정점에서 인접한 정점으로 가는 비용 등을 의미한다.

제안된 알고리즘에서는 가중치 무방향성 그래프를 기반으로 한 네트워크 토폴로지를 이용하여 하나의 출발지 노드  $s$ 로에서 다중의 목적지 노드들  $d_k \in D = \{d_1, d_2, \dots, d_n\}$  까지 최적 경로 트리를 구성한다. 여기서,  $n$ 은 정의된 목적지 노드들의 총 개수이며, 간선들은 두 노드  $(i, j)$ 들 간의 연결은  $e_{ij}$ 로 표현한다. 또한, 네트워크 토폴로지 상의 모든 간선들은 서로 다른 세 가지의 가중치 값  $(B_{ij}, D_{ij}, C_{ij})$ 을 가진다. 처음 두 가중치 비용은 QoS 제약 조건인 bandwidth와 지연시간이며, 마지막 가중치 값은 두 노드사이간의 비용을 나타낸다. 그림 1에서는 본 논문에서 사용되는 네트워크 토폴로지의 예를 보여준다.

제안 알고리즘의 각 경로(출발지 → 목적지)들은 출발지 기반의 탐색체 부호화 방법을 이용하여  $P(s, d_k)$ 로 정의된다. 본 논문에서는 두 가지의 QoS 제약 조건을 이용하여 트리 구조의 다중 라우팅 경로를 구성한다. 먼저, 연결된 두 노드들간에 고려되는 bandwidth와 출발지에서 각각의 목적지들까지의 각 경로에 고려되는 경로 지연 시간이다. 두 가지 QoS 제약 조건과 트리 경로 비용을 나타내는 목적함수 다음과 같이 정의된다.

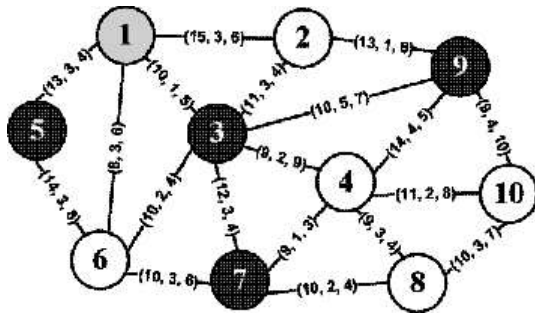


그림 1: 샘플 네트워크 토폴로지  
Fig. 1: Sample network topology

먼저 bandwidth란, 네트워크상 정보를 전송할 수 있는 능력을 뜻한다. 부호화되어지는 각각의 경로들의 bandwidth값은 항상 요청 값인  $B_{req}$ 보다 더 크거나 같은 값을 항상 가져야 하며, 이는 다음과 같이 표현된다.

$$B = \min_{\{i,j|e_{ij} \in E\}} B_{ij} \geq B_{req} \quad (1)$$

그리고 경로 지연 시간(End-to-end delay)은 구성된 경로를 통해 출발지에서 목적지로 데이터를 전송시키는데 소요된 시간을 의미한다. 제안된 QoS 멀티캐스트 라우팅 알고리즘에서는 각 경로(출발지 → 목적지)들의 지연 시간은 주어진 경로 지연 시간 제약 조건  $D_{req}$ 보다 작거나 같아야 하며, 이는 (2)와 같이 표현된다.

$$D_{sum} = \sum_{\{k|k \in D\}} \left[ \sum_{\{i,j|e_{ij} \in P(s, d_k)\}} D_{ij} \right] \leq D_{req} \quad (2)$$

제안 목적 함수(Objective Function)는 제안 기법에서는 경로 비용을 목적 함수로 채택하며, 이는 (3)과 같이 표현된다.

$$\min \sum_{\{i,j|e_{ij} \in P(s, d_k)\}} C_{ij} \quad (3)$$

### 3.2 제안 탐색적 분포 학습 알고리즘

본 논문에서는 탐색적 분포 학습 알고리즘 기반으로 QoS 제약조건인 bandwidth와 경로 지연 시간을 만족하는 멀티캐스트 라우팅 알고리즘을 제안한다. 제안 QoS 멀티캐스트 알고리즘의 전체 동작 과정을 그림 2에서 묘사한다.

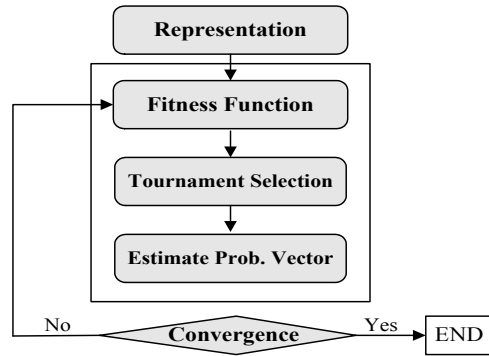


그림 2: 제안 알고리즘의 동작 과정  
Fig. 2: Procedure of proposed algorithm

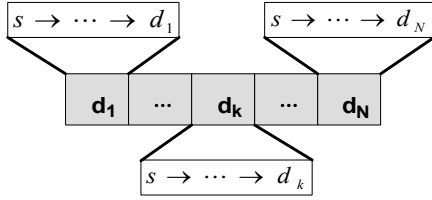


그림 3: 유전자 부호화 방법

Fig. 3: Encoding of chromosome

제안한 멀티캐스트 라우팅 기법에서는 QoS 제약 조건을 만족하면서 목적지 개수와 동일한 고정 길이의 염색체 구조하에 각각의 유티캐스트 라우팅 경로로 유전인자들을 부호화 한다[2]. 이에 대한 예가 그림 3에 묘사하였다. 여기서  $s$ 는 출발지 노드를 의미하며,  $d_k$ 는 임의의 도착지 노드를 나타내며, 목적지 노드들의 집합은 다음과 같이  $D = \{d_1, d_2, \dots, d_N\}$  정의되므로, 염색체의 길이는  $N$ 으로 정의된다.

적합도 함수는 염색체가 갖는 유전적 형질의 품질을 물리적 수치로써 평가하는 역할을 수행한다[1]. 그러므로 적합도 함수의 설계는 유전자 알고리즘의 성능을 좌우하는 매우 중요한 요소이다[1]. 제안 알고리즘에서는 QoS 제약 조건을 만족하는 범위에서 경로 비용이 최소인 최적의 경로를 찾으며, 이는 다음과 같이 정의된다.

$$F(h_k) = \left[ \sum_{i,j|e_{ij} \in P(s,d_k)} C_{ij} \right] \quad (4)$$

선택(Selection)은 다윈의 적자 생존론을 바탕으로 우수한 품질의 염색체가 다음 세대에 유전되는 가능성을 증가시켜 개체군의 평균 품질을 향상시키는 역할을 한다[1]. 제안 유전자 알고리즘에서는 서로 다른 염색체를 개체군으로부터 선택하여 가장 우수한 적합도를 갖는 염색체를 다음 세대의 부모 염색체로 선택하는 방식 무교체 승차진출 선택을 사용한다. 이 방법은 적절한 선택 강도를 보유하고 있어서, 해의 최적성이 우수하며, 수렴 성능도 열악하지 않는 기법으로 간주 되고 있다. 이러한 이유로 제안하는 유전자 알고리즘은 무교체 일대일 승차 진출 방식을 채택한다.

확률 벡터 평가 연산자에서는 각 목적지에 해

당하는 경로들의 발생 빈도를 평가하여 테이블을 구성한다[3,4]. 확률 테이블은 다음 세대의 유전자를 부호화 하는 기반이 되는 과정이다. 기존의 진화 알고리즘의 해의 탐색 유전 연산자들과 같이 해의 탐색 공간을 확장하는 역할을 한다. 이러한 유전 연산자는 기존의 객체에 의존하여 최적화 과정을 진행하는 진화 알고리즘과는 달리 객체가 표시하는 정보를 바탕으로 하여 최적화 과정을 진행한다.

마지막으로 제안 QoS 멀티캐스트 알고리즘의 종료 조건은 모든 해가 같은 값을 가질 경우 동작을 종료한다.

#### IV. 모의 실험 및 결과 분석

본 논문에서는 제안 QoS 멀티캐스트 라우팅 알고리즘의 성능을 비교 분석 하기 위하여 동일한 QoS 제약 조건 (bandwidth 와 지연시간)을 사용한 Chen알고리즘을 채택한다[2]. 제안 알고리즘의 성능을 Chen이 제안한 알고리즘과 다양한 형태의 네트워크 토폴로지에서 성능을 비교 분석한다.

모든 실험에서 제안된 알고리즘의 개체군의 크기를  $k \times N^{1.5}$ 로 정의하여 사용한다. 여기서,  $N$ 은 주어진 네트워크 토폴로지의 전체 노드 개수를 의미하며,  $k$ 는 개체군의 크기를 정의하기 위한 임의의 상수이며, 크기를 3으로 정의한다[1]. 제안 적합도 함수 사용하여 두 알고리즘의 성능을 비교하였으며, 동일한 QoS 제약 조건을 사용하였다.

Chen이 제안한 알고리즘은 유전자를 부호화함에 있어서 제안 알고리즘과 같은 방식의 유전자 부호화 방법을 사용한다. 또한, 교배 기법으로 이점 교배 기법을 사용하여 두 염색체간의 교차점의 유전자를 상호 교환하는 방식을 사용하였으며, 돌연변이점을 다른 유전자로 교환하는 돌연변이 기법을 사용하였다. 교배 연산과 돌연변이 연산의 확률을 각각 0.9와 0.2로 정의하였다[2].

제안 적합도 함수(4)를 이용하여 제안된 알고리즘과 Chen의 알고리즘의 성능을 비교한다. 적합도 함수는 주어진 QoS제약 조건을 만족하는 범위에서 경로 비용이 제일 작은 최적의 경로를 찾는

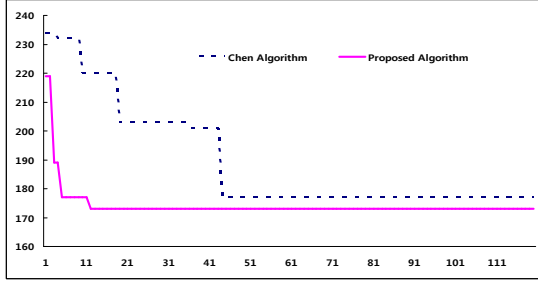


그림 4: 적합도 함수를 이용한 수렴 속도  
Fig. 4: Convergence test using fitness function

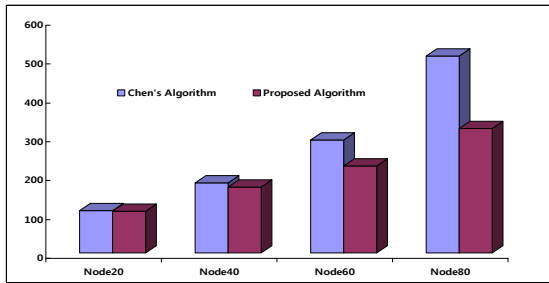


그림 5: 평균 경로 비용  
Fig. 5: Average of the total path cost

함수이다. 모든 모의실험에서는 QoS 제약조건인 bandwidth와 경로 지연 시간을 10으로 정의하였다.

노드의 개수가 60인 네트워크 토폴로지를 사용하여 제안된 확률 기반 알고리즘과 Chen 알고리즘의 수렴 성능을 비교한 결과를 그림 4를 통해 확인할 수 있다. 제안 알고리즘이 더 빠른 속도로 수렴을 하면서 더 작은 경로 비용을 가지는 것을 확인할 수 있다.

두 알고리즘을 각기 다른 간선의 값을 가진 100가지의 네트워크 토폴로지(노드 개수: 20-80)를 바탕으로 수행한 실험 결과를 그림 5를 통해 확인할 수 있다. 그리고 결과 값은 수행한 결과 값들의 평균값을 계산하여 표시하였다. 그림 5에서는 QoS 제약 조건을 반영하면서 두 알고리즘간의 경로 비용 값을 비교하였으며, 모든 경우에서 제안된 알고리즘이 항상 낮은 경로 비용 값을 가지는 것을 알 수 있다.

## V. 결 론

본 논문에서는 탐색적 분포 학습 알고리즘 기반으로 QoS 제약 조건을 만족하는 멀티캐스트 라우팅 알고리즘을 제안하였다. 제안 알고리즘에서는 유니캐스트 라우팅 기법을 이용하여 출발지로부터 각각의 목적지까지의 경로 유전자를 부호화하였다. 그리고 주어진 QoS 제약 조건을 만족하는 범위에서 경로 비용이 제일 작은 최적의 경로를 찾는 적합도 함수를 제안하였다. 그리고 해의 탐색 공간을 확장하기 위하여 경로의 분포 확률 테이블을 이용하여 기존의 유전자 알고리즘의 유전 연산자(교배 그리고 돌연변이)를 대체하였다. 실험 결과를 통하여 제안 유전자 알고리즘이 다중의 라우팅 경로를 탐색함에 있어 기존 기법보다 빠른 수렴 속도를 가지면서 더 우수한 최적 경로를 구성함을 확인할 수 있었다.

향후, 보다 다양한 형태의 QoS 요구 조건을 만족시킬 수 있는 적합도 함수의 설계와 효율적인 유전자 부호화가 필요하다.

## 감사의 글

본 연구는 건설 교통부 해수담수화플랜트 사업단과 광주과학기술원 분산센서 네트워크 연구소의 지원으로 수행되었습니다. 관계 부처에 감사드립니다.

## 참고문헌

- [1] Chang Wook Ahn., and R.S. Ramakrishna., A Genetic Algorithm for Shortest Path Routing Problem and the Sizing of Populations, IEEE TRANSACTIONS ON EVOLUTIONARY COMPUTATION, VOL.6, NO.6, DECEMBER 2002, pp566-579.
- [2] Hua Chen., and Baolin Sun., Multicast Routing Optimization Algorithm with Bandwidth and Delay Constraints Based on GA, Journal of Communication and Computer, Volume 2, No.5 (Serial No. 6), May 2005.
- [3] C.P. Ravikumar., and Rajneesh Bajpai., "Sources-based delay-bounded multicasting in

multimedia networks," Computer Communications 21, 1998, pp126-132.

- [4] Harik, G.R., Lobo, F.G., Goldberg, D.E., "The Compact genetic algorithm," In Proceedings of the International Conference on Evolutionary Computation 1998 (ICEC' 98), IEEE New York (1998) 523-528.
- [5] Baluja, S., "Population-based incremental learning: A method for integrating genetic search based function optimization and competitive learning," Technical Report CMU-CS-94-163, Carnegie Mellon University, Pittsburg, PA(1994).

### 저자소개



오상현(Sanghoun Oh)

2005. 동아대학교 컴퓨터공학과 (공학사).

2007. 광주과학기술원 정보통신공학과 졸업(공학석사).

2007. ~ 현재: 광주과학기술원 정보통신공학과 박사과정.

※관심분야 : 진화컴퓨팅 기반의 기계 학습 설계 및 분석



황용수(Yongsoo Hwang)

2005. 한림대학교 컴퓨터 공학과 졸업(공학사).

2007. 광주과학기술원 정보통신공학과(공학석사).

2007. ~ 현재: 광주과학기술원 정보통신공학과 박사과정.

※관심분야 : 양자 컴퓨팅 기반의 기계 학습 설계 및 분석



전태균(Taegyun Jeon)

2007. 동아대학교 컴퓨터공학과(공학사).

2007 ~ 현재. 광주과학기술원 정보통신공학과 석사과정.

※관심분야 : 분산 데이터 마이닝, 진화 컴퓨팅



정희철(Heechul Jung)

2008. 세종대학교 인터넷공학과(이학사).

2008 ~ 현재. 광주과학기술원 정보통신공학과 석사과정.

※관심분야 : 컴퓨터비전, 패턴인식, 머신러닝



변원민(Wonmin Byeon)

2008. 동아대학교 컴퓨터공학과(공학사).

2008 ~ 현재. 광주과학기술원 정보통신공학과 석사과정.

※관심분야 : 컴퓨터비전, 패턴인식, 머신러닝



전문구(Moongu Jeon)

1988. 고려대학교 건축공학과 졸업(공학사).

1999. 미네소타대학교 컴퓨터과학과(공학석사).

2001. 미네소타대학교 Scientific Computation(공학박사).

현재 광주과학기술원 정보통신공학과 교수 재임.

※관심분야 : 패턴인식, 데이터마이닝, 컴퓨터 비전, 진화컴퓨팅, 최적화이론, 분산컴퓨팅