

## 情報ネットワークモデルにおける最適な経路・フロー制御

奥原 浩之<sup>†</sup>, 田中 稔次朗<sup>†</sup>

<sup>†</sup> 広島県立大学 経営学部 経営情報学科

### 1. はじめに

近年の情報ネットワークは大規模かつ複雑化し、多様かつ大量のデータが広く分散するエンドユーザ間で流通している。情報ネットワークは、パケット交換機どうしの間を結ぶ基幹通信サブシステムと、端末とパケット交換機間の情報通信処理サブシステムの二つに大きく分類される [1]。コンピュータ間を結ぶ通信線や通信制御装置等は有限の資源であり、通信の品質を向上させるためのネットワーク設計や通信制御は重要な問題であるといえる。情報通信処理サブシステムでは、分岐構成、集線装置の配置問題等があり、基幹通信サブシステムでは、トポロジー、経路選択 (以後、ルーチング)、パケット交換機間の容量割当問題等がある。本研究では、基幹通信サブシステムのトポロジーが与えられたもとで、遺伝的アルゴリズム [2] を用いて適応的なルーチングとフロー制御を行うことを考える。

一般に、ネットワークの性能は、メッセージの平均遅延時間、メッセージの待ち行列の長さ、スループット、ノードプロセッサや伝送リンクの利用率等により評価される。本研究では、適切なルーチングとフロー制御を行うことで、ネットワーク内に存在するパケット数の平均を最小とすることを目的とする。

### 2. 対象とするネットワークとモデルの概要

ネットワークは  $N$  個の拠点 (以後; ノード) からなる基幹通信サブシステムであるとする。通信方式はパケット交換方式が用いられ、各ノードにパケット交換機が設置されているものとする。ノード間では通信線 (以後; リンク) により、データの伝送が行われる。ノード  $i$ , ( $i = 1, 2, \dots, N$ ) は近傍のノード  $j$  とリンク  $L_{ij}$ , ( $j \in L_i$ ) で結ばれているものとする。ただし、 $L_i$  はノード  $i$  から出力される接続を表し、リンク  $L_{ij}$  のリンク容量は有限であるとする。また、ノード  $i$  にはリンク毎に無限の待ち合わせバッファの存在を仮定する。待ち合わせバッファにおけるサービス規律は FIFO とする。また、全てのノードにはネットワークのトポロジー情報を記述したトポロジー・テーブルと、リンクのトラフィック情報を記述したトラフィック・テーブルが存在するものとする。本研究では、ネットワークにおけるルーチングはバーチャルサーキット式経路選択法により行われるものとする。つまり、ネットワーク上に新たなセッションが発生した時点でバーチャルサーキットが確立され、フレームのヘッダには宛先までの経路であるバーチャルサーキットが記述される。同じセッションのメッセージに属するパケットは、同じ経路を通過して宛先へ送られる。また、ネットワークのトポロジー情報と各リンクのトラフィック情報は、変化が検出されるとフラグディング [4] により全ノードにブロードキャストされ、トポロジー・テーブルとトラフィック・テーブルが更新されるものとする。

ネットワークのノード  $o$  を発信ノードとし、ノード  $d$  を着信ノードとするセッション  $w$  は、起点と終点のペア (以後; OD ペア) で表され、 $w = (o, d)$  とする。ここで、 $W$  を OD ペアの集合、 $P_w$  を OD ペア  $w$  の発信ノードと着信ノードを結ぶ全ての有向経路の部分集合とする。OD ペア  $w$  の経路  $p$  の入力トラフィックの到着率 (以後; フロー) を  $x_{w,p}$  [pkt/s] とすると、リンク  $L_{ij}$  における総フロー (つまり、全到着率)  $f_{ij}(\mathbf{x})$  [pkt/s] は

$$f_{ij}(\mathbf{x}) = \sum_{p \in P_{ij}} x_{w,p} \quad (w \in W) \quad (1)$$

となる。ここで、 $\mathbf{x}$  は全ての  $x_{w,p}$  から構成される経路フローのベクトルであり、 $p_{ij}$  はリンク  $L_{ij}$  を含む経路  $p$  の集合を表す。また、セッション  $w$  のノード  $o$  への、入力トラフィックの総フローは  $r_w$  [pkt/s] であるとする。

いま、すべてのリンク  $L_{ij}$  のリンク容量  $c_{ij}$  [pkt/s] とノードからの出力リンクでの処理と伝搬による遅延  $d_{ij}$  [s/pkt] が既知であるとする。各待ち行列がパケットについて M/M/1 待ち行列で近似

できると仮定するフローモデルでは、システム内の平均パケット数  $D(\mathbf{x})$  を最小とする経路フローベクトル  $\mathbf{x}$  は、次の非線形最適化問題 (NLP)

Minimize

$$D(\mathbf{x}) = \sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^N \left( \frac{f_{ij}(\mathbf{x})}{c_{ij} - f_{ij}(\mathbf{x})} + d_{ij} f_{ij}(\mathbf{x}) \right) \equiv \sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^N D_{ij} \{f_{ij}(\mathbf{x})\}$$

Subject to

$$\sum_{p \in P_w} x_{w,p} = r_w \quad (w \in W), \quad 0 \leq f_{ij}(\mathbf{x}) \leq c_{ij} \quad (w \in W, p \in P_w)$$

を解くことで得られる [3].

### 3. 従来のルーチングとフロー制御

ここで、従来のルーチングとフロー制御の概要を文献 [3] にもとづき説明する。システム内の平均パケット数  $D(\mathbf{x})$  のフロー  $x_{w,p}$  に関する 1 次導関数

$$\frac{\partial D(\mathbf{x})}{\partial x_{w,p}} = \sum_{L_{ij} \in p} \left[ \frac{c_{ij}}{\{c_{ij} - f_{ij}(\mathbf{x})\}^2} + d_{ij} \right] \equiv \sum_{L_{ij} \in p} D'_{ij} \{f_{ij}(\mathbf{x})\} \quad (2)$$

は経路  $p$  の長さと考えることができ、これを経路  $p$  の 1 次微分係数長 (以後; MFDL) という。MFDL を最小とするような経路を MFDL 経路という。また、平均パケット数  $D(\mathbf{x})$  のフロー  $x_{w,p}$  に関する 2 次導関数は

$$\frac{\partial^2 D(\mathbf{x})}{(\partial x_{w,p})^2} = \sum_{L_{ij} \in p} \frac{1}{\{c_{ij} - f_{ij}(\mathbf{x})\}^3} \equiv \sum_{L_{ij} \in p} D''_{ij} \{f_{ij}(\mathbf{x})\}$$

となる。

ここで、NLP のリンク  $L_{ij}$  の総フロー  $f_{ij}$  に関する制約を  $0 \leq f_{ij}$  に緩和するために、定数  $\rho < 1$  を導入し、 $f_{ij}(\mathbf{x}) = \rho c_{ij}$  において、 $D_{ij} \{f_{ij}(\mathbf{x})\}$  の値と 1 次導関数と 2 次導関数の値が等しくなる関数

$$\tilde{D}_{ij} \{f_{ij}(\mathbf{x})\} = \begin{cases} D_{ij} \{f_{ij}(\mathbf{x})\}, & (f_{ij}(\mathbf{x}) \leq \rho c_{ij}) \\ \alpha_{ij} (f_{ij}(\mathbf{x}) - \rho c_{ij}) (f_{ij}(\mathbf{x}) - \beta_{ij}) + D_{ij} \{\rho c_{ij}\}, & (f_{ij}(\mathbf{x}) > \rho c_{ij}) \end{cases} \quad (3)$$

を考える。ここで、

$$\alpha_{ij} = \frac{1}{2} D''_{ij} \{\rho c_{ij}\}, \quad \beta_{ij} = \rho c_{ij} - \frac{1}{\alpha_{ij}} D'_{ij} \{\rho c_{ij}\}$$

である。

さらに、各 OD ペア  $w$  の MFDL 経路を  $\bar{p}$  と表し、フロー  $x_{w,\bar{p}}$  を

$$x_{w,\bar{p}} = r_w - \sum_{p \in P_w, p \neq \bar{p}} x_{w,p} \quad (4)$$

で与えることにより、NLP は、正の制約条件のみをもつ非線形最適化問題 (NLP')

Minimize

$$\tilde{D}(\tilde{\mathbf{x}}) = \sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^N \tilde{D}_{ij} \{f_{ij}(\tilde{\mathbf{x}})\}$$

Subject to

$$0 \leq x_{w,p} \quad (w \in W, p \in P_w, p \neq \bar{p})$$

に変換される。ここで、 $\tilde{\mathbf{x}}$  は MFDL 経路でない全ての経路フローのベクトルである。

システム内の平均パケット数  $\tilde{D}(\bar{\mathbf{x}})$  のフロー  $x_{w,p}$  に関する 1 次導関数は

$$\frac{\partial \tilde{D}(\bar{\mathbf{x}})}{\partial x_{w,p}} = \frac{\partial \tilde{D}(\mathbf{x})}{\partial x_{w,p}} - \frac{\partial \tilde{D}(\mathbf{x})}{\partial x_{w,\bar{p}}}, \quad (w \in W, p \in P_w, p \neq \bar{p}) \quad (5)$$

となる。ここで、式(5)の右辺第1項を

$$G_{w,p} = \frac{\partial \tilde{D}(\mathbf{x})}{\partial x_{w,p}} \equiv \sum_{L_{ij} \in P} \tilde{D}'_{ij}\{f_{ij}(\mathbf{x})\} \quad (6)$$

とすると、 $\tilde{D}'_{ij}\{f_{ij}(\mathbf{x})\}$  は修正された MFDL であり、

$$\tilde{D}'_{ij}\{f_{ij}(\mathbf{x})\} = \begin{cases} D'_{ij}\{f_{ij}(\mathbf{x})\}, & (f_{ij}(\mathbf{x}) \leq \rho c_{ij}) \\ \alpha_{ij}(2f_{ij}(\mathbf{x}) - \beta_{ij} - \rho c_{ij}), & (f_{ij}(\mathbf{x}) > \rho c_{ij}) \end{cases} \quad (7)$$

で与えられる。

さらに、システム内の平均パケット数  $\tilde{D}(\bar{\mathbf{x}})$  のフロー  $x_{w,p}$  に関する 2 次導関数は

$$H_{w,p} = \frac{\partial^2 \tilde{D}(\bar{\mathbf{x}})}{(\partial x_{w,p})^2} \equiv \sum_{L_{ij} \in L_p} \tilde{D}''_{ij}\{f_{ij}(\bar{\mathbf{x}})\}$$

となる。ここで、

$$\tilde{D}''_{ij}\{f_{ij}(\bar{\mathbf{x}})\} = \begin{cases} D''_{ij}\{f_{ij}(\bar{\mathbf{x}})\}, & (f_{ij}(\bar{\mathbf{x}}) \leq \rho c_{ij}) \\ 2\alpha_{ij}, & (f_{ij}(\bar{\mathbf{x}}) > \rho c_{ij}) \end{cases} \quad (8)$$

である。ただし、 $L_p$  は経路  $p$  か MFDL 経路  $\bar{p}$  のどちらかのみにも属しているリンクの集合を表す。

従来のフローモデルのルーチングでは、式(2)で与えられる MFDL を用いて、Dijkstra 法 [4] による反復計算により最短経路探索が行われる。さらに、フロー制御では、射影法による反復計算、

$$x_{w,p}^{k+1} = \max \left[ 0, x_{w,p}^k - \epsilon^k H_{w,p}^{-1} (G_{w,p} - G_{w,\bar{p}}) \right] \quad (9)$$

により、各経路に対するフローの割り当てが行われる。

射影法はフロー偏向法より、高速に実行ができ、分散処理化が可能である。フロー偏向法は ARPAnet へ適用され、その有用性が示されている。ところが、このような従来のモデルでは、ルーチングにおいて複数の解候補をあげることができず [5]、フロー制御において局所的な最適解に陥る可能性がある。

以上のことから、本研究では遺伝的アルゴリズムを用いることで、ルーチングで複数の解候補を生成し、フロー制御で局所的な最適解を避けることを実現する。

#### 4. 遺伝的アルゴリズムによるルーチングとフロー制御

##### 4.1 遺伝的アルゴリズムによるルーチング

ここで、ルーチングに関する染色体の構造と初期個体群の発生の仕組みについて述べる。ここで、本研究では、全てのノードにはトポロジーの情報を記述したトポロジー・テーブルの存在を仮定する。トポロジー・テーブルの内容は、ノード  $i$  から接続されている近傍のノード  $j$  ( $\in L_i$ ) であり、ネットワークのトポロジーが変化される度に更新される。図 1 のようなネットワークに対する  $N \times L_{max}$  のトポロジー・テーブルの例を表 1 に示す。ここで、 $L_{max}$  は  $L_i$ , ( $i = 1, 2, \dots, N$ ) の最大値であり、図 1 の例では  $L_{max} = 5$  である。セッションがネットワーク内のあるノードに発生したとき、セッションはパケットに分割されると同時に宛先とトポロジー・テーブルから、パケットのヘッダにバーチャルパスを記述することによりルーチングを行う。

ノードでは、セッションが発生したときに、宛先までのバーチャルパスを表現する染色体が  $K_r$  個発生する。染色体はノード数  $N$  をこえない  $H$ , ( $\leq N$ ) 個の遺伝子の集まりで構成され、 $h$  番目 ( $h = 1, \dots, H$ ) の遺伝子座は、バーチャルパスにおける  $h$  番目の経由ノードを表す。1 番目の遺伝子座には始点ノードが入る。トポロジー・テーブルを参照することで、 $h+1$  番目の遺伝子座には、 $h$  番目の遺伝子座にあるノードに対する接続ノードの 1 つが入る。これを、宛先のノードが遺伝子座に表れるまで繰り返すことで染色体が決まる。明らかに、この手法はループを含むバーチャ

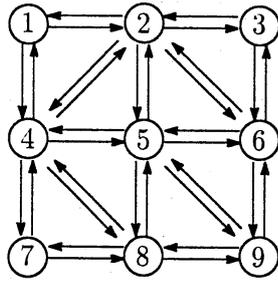


図1 ネットワークの例

1	1	2	5	6	9	0	0	0	0
致死	1	4	2	6	3	2	5	9	0
2	1	4	2	5	8	9	0	0	0
$k_r$	1	2	5	4	7	8	9	0	0

図2 初期個体群の例

ルパスを表現する染色体が出現する可能性を許すことになる。そこで、宛先のノードが遺伝子座に表れるまでに、同じノードが再び遺伝子座に出現した染色体は致死染色体として取除く。また、宛先のノードが遺伝子座  $h$ , ( $h < H$ ) に表れたとき、残りの遺伝子座  $h+1 \sim H$  には0が書き込まれるものとする。図1のネットワークに対して、ODペア(1,9)に対して発生した染色体 ( $H = N$ ) の例を図2に示す。致死の原因となった部分には、数字の上に印をつけている。

ここで、ルーチングに関する適応度関数と染色体の複製について述べる。本研究では、全てのノードには総フロー  $f_{ij}(x)$  の情報を記述したフロー・テーブルの存在を仮定する。フロー・テーブルの内容は、あるノード  $i$  が出力リンク  $L_{ij}$ , ( $j \in L_i$ ) に関する総フローをフラッキングにより他のノードへブロードキャストされる度に更新される。図1のようなネットワークに対するフロー・テーブルの例を表2に示す。例えば、トポロジー・テーブルにおいて、ノード2の接続ノード番号4の欄はリンク  $L_{25}$  を表していることから、フロー・テーブルにおけるノード2の接続ノード番号4の欄には  $f_{25}(x)$  が記述される。

表1 トポロジー・テーブルの例

	接続ノード番号				
ノード	1	2	3	4	5
1	2	4	0	0	0
2	1	3	4	5	6
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
9	5	6	8	0	0

表2 フロー・テーブルの例

	接続ノード番号				
ノード	1	2	3	4	5
1	215.6	363.1	0	0	0
2	292.7	208.3	337.5	276.9	301.7
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
9	348.4	322.5	219.7	0	0

従来の遺伝的アルゴリズムを用いた経路探索 [5] では、適応度関数が経路長の和の逆数で定義されたのに対して、本研究では、修正された MFDL により導出される式 (6) で適応度関数を定式化する。また、染色体の複製はルーレット選択 [8] により行われるものとする。

ここで、ルーチングに関する染色体の一部を組み替える交叉について述べる。集団からランダムに親1と親2を抽出し、それぞれの染色体の最初と最後の遺伝子座以外の遺伝子座に、同じノードが存在する場合に限り、その遺伝子座を交叉点として交叉が可能であるものとする。そして、交叉が可能で遺伝子座の集合の中からランダムに交叉点を選択して交叉を行うものとする。明らかに、この手法もループを含むバーチャルパスを表現する染色体が出現する可能性を許すことになる。そこで、初期個体群の発生するときと同様にして、ループを含む染色体は致死染色体として取除く。ここでも、宛先のノードが遺伝子座  $h$ , ( $h < H$ ) に表れたとき、残りの遺伝子座  $h+1 \sim H$  には0が書き込まれるものとする。

#### 4.2 遺伝的アルゴリズムによるフロー制御

ここで、フロー制御に関する染色体の構造と初期個体群の発生の仕組みについて述べる。  $|W|$  個のセッションに対して、遺伝的アルゴリズムを用いたルーチングにより、それぞれ、MFDL 経路  $\bar{p}$  を含む  $|P_w|$  個の経路が得られているものとする。ここで、  $|W|$  は OD ペアの集合  $W$  の数、  $|P_w|$  は有向経路の部分集合  $P_w$  の数である。染色体は各 OD ペア  $w$  ごとに  $R$ , ( $\geq p_{max}$ ) 個の遺伝子が用意され、全ての OD ペアの経路のフロー  $x$  を表現するために、  $R \times |W|$  個の遺伝子から構成される。ここで、  $p_{max}$  は  $|P_w|$  の最大値である。  $(w-1) \times R + p$  番目の遺伝子座は、OD ペア  $w$  の経路  $p$  のフロー  $x_{w,p}$  の値を表す。染色体は  $K_f$  個発生させるものとする。そこで、  $k$  番目の染色体をベクトル  $x_k \in \mathbb{R}^{R \times |W|}$ , ( $k = 1, 2, \dots, K_f$ ) で表す。OD ペアが  $|W| = 3$ , 各 OD ペア  $w$  に対する経路数  $p_1 = 3, p_2 = 2, p_3 = 4, R = 4$  の場合の遺伝子型の例を図3に示す。

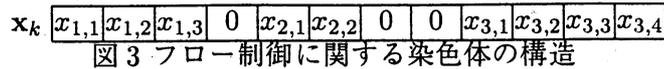


図3 フロー制御に関する染色体の構造

フローの初期値は各 OD ペア毎に式 (4) を満たすように設定する。割合  $S$ , ( $0 \leq S \leq 1$ ) を考え、全染色体  $K_f$  個のうち  $S \times K_f$  個は、実行可能領域内からランダムに発生させる。そのため、各 OD ペアごとの MFDL 経路  $\bar{p}$  に関する遺伝子座の値は、最後に式 (4) を満たすように与える。残りの  $(1 - S) \times K_f$  個は実行可能領域の境界上に発生させる。ただし、各 OD ペア  $w$  に関する遺伝子座において、 $|P_w| + 1 \sim R$  である遺伝子座には 0 が書き込まれるものとする。図 3 の例において、入力トラフィックの総フローが  $r_1 = 7, r_2 = 4, r_3 = 9$  である場合、実行可能領域内から発生した初期個体群を図 4 に示す。

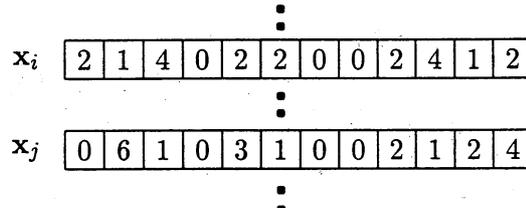


図4 実行可能領域内の初期個体群

ここで、フロー制御に関する適応度関数と染色体の複製について述べる。本研究では、ルーチングで得られた染色体の情報から、式 (1) によりリンク  $L_{ij}$  における総フロー  $f_{ij}(x)$  を求め、適応度関数の値を計算する。適応度関数は NLP' の評価関数で定式化する。また、染色体の複製はルーチングの場合と同様に、ルーレット選択により行われるものとする。

ここで、フロー制御に関して染色体の一部を組み替える交叉について述べる。本研究では、集団からランダムに親  $x_i$  と親  $x_j$  を抽出し、これらを結ぶ線分上

$$x' = (1 - \alpha) x_i + \alpha x_j, \quad x'' = \alpha x_i + (1 - \alpha) x_j$$

に染色体を発生させる全体算術交叉 [2] を行う。ただし、 $\alpha \in [0, 1]$  である。実行可能領域が凸集合であるので、発生した染色体は実行可能解を表現したものとなる。

ここで、フロー制御に関する突然変異について述べる。本研究では、一様突然変異と境界突然変異を行う [2]。一様突然変異では、OD ペアの MFDL 経路  $\bar{p}$  に相当する遺伝子座を除いて、染色体の遺伝子座をランダムに選ぶ。選ばれた遺伝子座の値を  $x_{w,p}^k$  として、その遺伝子座が属する OD ペアの MFDL 経路に関する遺伝子座の値を  $x_{w,p}^k$  とする。新しい遺伝子座の値を

$$x_{w,p}^{k+1} \in [0, x_{w,p}^k + x_{w,p}^k]$$

の範囲でランダムに与える。それに応じて、MFDL 経路に関する遺伝子座の値を、最後に式 (4) を満たすように修正する。境界突然変異では、染色体の遺伝子座をランダムに選び、その値を実行可能解の境界である  $r_w$  として、その遺伝子座が属する OD ペアの他の遺伝子座の値を 0 とする (図 5 参照)。図中の○は突然変異が生じた遺伝子座を表す。

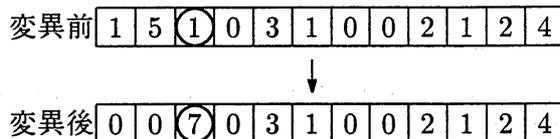


図5 境界突然変異の例

### 5. シミュレーション結果ならびに考察

ここでは、フローモデルについて、従来の Dijkstra 法によるルーチングと射影法によるフロー制御に比較して、遺伝的アルゴリズムによるルーチングとフロー制御手法の有効性を示す。対象としたネットワークの構造は、図 6 のような格子型ネットワークである。

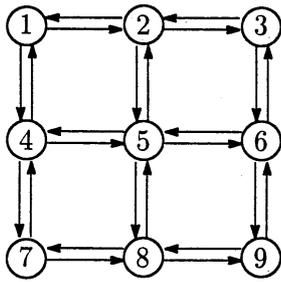
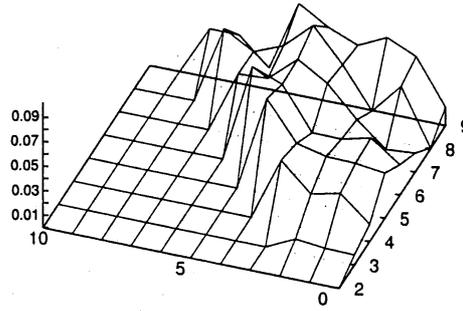
図6 格子型ネットワークの構造 ( $3^2$ )

図7 ネットワークのサイズとセッション数の相違による提案手法の有効性

シミュレーションでは、初期状態において、ノード数  $N$  の格子型ネットワークのトポロジー情報が、全てのノードにトポロジー・テーブルとして存在しているものとする。また、ネットワークに発生している全セッション  $W$  の数  $|W|$  は、あらかじめ与えられているものとする。各 OD ペアの発信ノードと着信ノードは 1 から  $N$  の離散一様乱数により与える。ただし、発信ノードと着信ノードが同じ場合は除外され、OD ペア  $w$  の経路  $P_w$  の数  $|P_w|$  は、トラフィック状態により変化するものとする。

さらに、すべての OD ペア  $w$  の経路  $p$  の入力トラフィックのフローベクトル  $x$  [pkt/s], セッション  $w$  の入力トラフィックの総フロー  $r_w$  [pkt/s], リンク容量  $c_{ij}$  [pkt/s] ならびに遅延  $d_{ij}$  [s/pkt] の初期値は与えられるものとする。

まず、ネットワークの規模の違いによる従来法と提案手法の有効性の比較を行うため、ネットワークのノード数に対して、一定の割合のセッションが発生している場合を仮定する。

つぎに、ネットワークにおけるセッション数が変化したときに従来法と提案手法の有効性の比較を行うため、固定されたノード数に対して、セッションが発生している割合が異なる場合を仮定する。

図7は従来法と提案手法を、それぞれ NLP' に適用して、得られた評価関数の比較を示す。

シミュレーションは各ネットワークごとに20回行った。ただし、各回ごとに乱数により  $x$ ,  $r_w$ ,  $c_{ij}$  と  $d_{ij}$  の初期値を発生させ、その初期値に対して従来手法と提案手法を適用した。初期値は、 $r_w$  を 1 ~ 10 の一様乱数、 $c_{ij}$  を 150 ~ 250 の一様乱数、 $d_{ij}$  を 15 ~ 25 の一様乱数で作成した。 $x_{w,p}$  は 0 ~ 1 の一様乱数を  $|P_w|$  個だけ発生し、これらを規格化した値に  $r_w$  をかけて作成した。ここでは共に、従来の射影法により得られた評価関数の値を 100% として、提案手法により得られた削減率を示している。実線は、各ノード数ごとの平均値を結んだものである。

これらの結果から、遺伝的アルゴリズムを用いた提案手法は従来法に比較して、ネットワーク内の平均パケット数を低く抑えることができることが示された。得られる結果は、評価関数の形状等により変化するものと考えられるが、提案手法は従来の傾斜法により得られる最適解探索能力と同等、あるいはより優れた能力を有しているといえる。

## 6. おわりに

本研究では、ネットワークの輻輳の状態をリンクにおけるトラフィック到着率で評価できるフローモデルに対して、経路選択とフロー制御を遺伝的アルゴリズムを利用してあわせて制御する手法を提案した。

シミュレーションの結果、従来法に比較して、提案手法を用いたルーチングとフロー制御は、ネットワーク内の平均パケット数を低く抑えることができることが示された。さらに、ネットワーク全体においてリンク使用率を均一化する傾向が見られた。

## 参考文献

- [1] 電子情報通信学会編, “電子情報通信ハンドブック,” オーム社, 1988.
- [2] 坂和正敏, 田中雅博, “遺伝的アルゴリズム” 朝倉書店, 1995.
- [3] E. W. Dijkstra, “A Note of Two Problems in Connection with Graphs,” *Numerische Mathematik*, 1, pp. 269-271, 1959.
- [4] D. Bertsekas and R. Gallager, “Data Networks,” *Prentice-Hall, Inc.*, 1987.
- [5] 稲垣潤, 長谷川美紀, 北島秀夫, “遺伝的アルゴリズムを用いた経路探索における複数経路候補の決定法,” 信学論 (D-I), Vol. J82-D-I, No. 8, pp. 1102-1111, 1999.