

基于免疫克隆退火算法的 P2P 路由算法

吴绍兴¹, 张歌凌², 马玉军¹

(1. 南阳理工学院计算机网络中心, 南阳 473004; 2. 黄河水利职业技术学院管理系, 开封 475000)

摘 要: 为改善 P2P 网络中传统路由算法存在的不足, 结合免疫克隆算法和模拟退火算法的优点, 提出一种基于免疫克隆退火算法的 P2P 路由算法。该算法充分考虑节点间延迟、带宽和费用等差异。实验结果表明, 该算法能有效提高路由效率, 减少路由延迟, 整体性能优于其他路由算法。

关键词: 对等计算; 路由算法; 模拟退火算法; 免疫克隆退火算法

P2P Routing Algorithm Based on Immune Clonal Annealing Algorithm

WU Shao-xing¹, ZHANG Ge-ling², MA Yu-jun¹

(1. Computer Network Centre, Nanyang Institute of Technology, Nanyang 473004;

2. Department of Management, Yellow River Conservancy Technical Institute, Kaifeng 475000)

【Abstract】 To improve the efficiency and effectiveness traditional algorithms which still have some shortcomings, this paper combines the advantages of immune clonal algorithm with simulated annealing, brings forward a routing algorithm based on Immune Clonal Annealing Algorithm(ICAA). The simulation results show that this algorithm achieves resource load balancing, and it overcomes the shortcomings of genetic algorithm, and can be applied to the optimization of task schedule successfully. Experimental result shows that it is concluded that ICAA is exploited to achieve the goal of improving the routing performance, and is superior to other algorithm.

【Key words】 Peer-to-Peer(P2P) computing; routing algorithm; simulated annealing algorithm; Immune Clonal Annealing Algorithm(ICAA)

1 概述

对等计算(Peer-to-Peer, P2P)是最近被计算机界广泛重视并迅速发展的一项技术,它是现代网络技术和分布式计算技术相结合的产物。在 P2P 网络中,网络的参与者共享他们所拥有的一部分硬件资源(处理能力、存储能力、网络连接能力、打印机等),这些共享资源通过网络提供服务和内容,能被其他对等节点(Peer)直接访问而无需经过中间实体^[1-2]。P2P 网络中的参与者既是资源(服务和内容)提供者(Server),又是资源获取者(Client)。

P2P 网络路由算法根据其结构特性可以分为非结构化 P2P 路由算法和结构化 P2P 路由算法。在非结构化 P2P 中,节点之间连接任意,数据信息放置与对等网络拓扑结构无关^[3-4]。非结构化 P2P 路由算法采用基于完全随机图的洪泛发现或随机转发机制。这类路由算法容易实现,当前商业 P2P 产品都是非结构化的,但是采用洪泛、随机漫步或有选择转发算法,使得非结构化 P2P 路由直径不可控,可扩展性较差。结构化 P2P 网络中路由算法有全局搜索和信息冗余小的优点。在规模为 N 个节点的 P2P 网络中,通常每个节点维护的相关节点信息为 $O(\ln N)$,每一次查询需要 $O(\ln N)$ 步。文献[5]提出了相近度路由的概念。通过使用节点间端到端的最小延迟, PNS(Proximity Neighbor Selection)可以使用在 Overlay 网络中。Ratnasamy 等人提出了一种分布式围栏算法,试图让 Overlay 拓扑结构与底层网络拓扑结构尽可能匹配^[6],该方法对规模固定的系统来说效果较好,但是如果系统规模处在动态变化之中,地标节点的确定就变得很困难。现有的路由算

法假定所有节点的链路带宽、处理能力和费用等属性是相等的,而实际的网络中情况并非如此。因此,本文提出了一个基于免疫克隆退火算法(Immune Clonal Annealing Algorithm, ICAA)的 P2P 路由算法。

2 P2P 路由模型

P2P 路由问题可以抽象成一个节点间数据传输的最优路径问题,尤其是当系统中存在多个副本时^[7]。较好的路径指低延迟、高带宽和低费用的路由路径,分别用 $band(x)$, $cost(x)$, $latency(x)$, $hop(x)$ 表示 P2P 网络的带宽、路径的费用、链路延迟、跳数。P2P 路由目标函数可以描述如下:

定义 P2P 路由目标函数 $F(x)$

$$F(x) = \alpha \times band(x) + \beta \times cost(x) + \gamma \times latency(x) + \lambda \times hop(x)$$

其中, $\alpha, \beta, \gamma, \lambda$ 是常量系数(满足 $\alpha + \beta + \gamma + \lambda = 1$),可以根据实际需要确定。

3 ICAA 算法的结构与描述

3.1 ICAA 算法的思想

免疫克隆算法是模拟生物免疫系统的多克隆机理,不仅采用变异、交叉等操作实现抗体间的信息交换,而且还要充分利用抗体在变化过程中已经获得的对抗原反应的特性,进

基金项目: 南阳市科技攻关计划基金资助项目(2007G0804)

作者简介: 吴绍兴(1979-),男,讲师、硕士,主研方向:计算机网络与网络安全;张歌凌,讲师;马玉军,工程师、硕士

收稿日期: 2009-03-10 **E-mail:** shaoxingwu@163.com

一步增加克隆的多样性。克隆算子是依据抗体与抗原的亲合度函数，将解空间中的一个点分裂成多个相同的点，并经过克隆变异、克隆交叉、克隆选择变换后获得新的抗体群^[8-9]。在克隆算法执行过程中，为了保持解的多样性而扩大空间搜索范围，采取对父代进行克隆复制的策略，其解空间变大是以计算时间增长为代价的。为了提高算法的运行效率，有效控制抗体规模，对免疫克隆算法融入模拟退火思想。模拟退火算法起源于统计物理学方法，并首次被 Kirkpatrick 等引入优化问题的求解，模拟退火算法具有很好的局部搜索能力^[10]。因此本文将两者相结合，提出了免疫克隆退火算法 ICAA。ICAA 算法首先依据抗体与抗原的亲合度函数，将解空间中的一个点分裂成多个相同的点，并经过克隆变异、克隆交叉和克隆选择变换后获得新的抗体群，同时在变异和交叉过程中，按照模拟退火接受准则来决定是否接受操作后的新抗体，当退火温度接近 0 的时候，ICAA 算法自然结束。

3.2 抗体编码及初始抗体群

在 P2P 网络中，每个节点的路由表均记录着直接邻居节点的位置信息。用一个大小为 $N \times N$ 采用二进制编码的一维数组作为 P2P 网络路由表的编码方案，其中 N 表示系统中的节点数目，每个抗体占的空间为 $O(N \times N)$ 。随机产生 $popsiz$ 个位数为 n 的抗体，然后用自然数编码的抗体串作为初始抗体种群。

3.3 亲合度

亲合度是用来表明抗体与抗原之间的匹配程度，亲合度越高，说明抗体越接近抗原，也就越接近所求问题的解。对 P2P 路由目标函数 $F(x)$ 进行适当变换：

$$f(x) = \frac{1}{\min(F(x))}$$

其中， $f(x)$ 为抗体 x 的亲合度。

3.4 抗体克隆

对当前代抗体进行克隆，生成一个临时的克隆群体 C ，每个抗体与抗原的亲合度越大，抗体的克隆规模也就越大。对抗体群 A 中每一个抗体 x_i 按规模 $\text{INT}(\alpha \times N/i)$ 克隆到新的抗体群 C 中，新抗体群规模为 N_c 。

$$N_c = \sum_{i=1}^N \text{INT}\left(\frac{\alpha \times popsize}{i}\right)$$

其中， α 为克隆系数； $\text{INT}(\ast)$ 为取整函数； $popsiz$ 为初始抗体群大小。

3.5 克隆变异

通过克隆扩大了群体的规模，然后对克隆后的临时群体 C 中每个抗体进行变异，可以提高群体中抗体的多样性，扩大了搜索范围，用来寻找更优秀的抗体，变异后临时的抗体群为 M 。

克隆变异操作如下：

(1) $v' = v + P_m \times \exp(-f) \times N(0,1)$ 。其中， v 和 v' 分别是父抗体和子抗体； $N(0,1)$ 是均值为 0、方差 $\sigma=1$ 的高斯变量； P_m 是变异概率； $f(\ast)$ 是 v 的亲合度。

(2) 计算 v' 和 v 的适应度 $f(V')$ ， $f(V)$ ，若 $\min\{1, \exp(-(f(V') - f(V))/T_k)\} > \text{random}[0,1]$ ，则按照退火接受准则，接受新解；否则，放弃变异后的抗体 v' 。 T_k 为第 k 次进化的温度。

3.6 克隆交叉

交叉是指把 2 个父代抗体的部分结构加以替换重组而生成新抗体的操作，交叉后临时的抗体群为 C_r ，克隆交叉操作

如下：

(1) 在 $[0,1]$ 内随机生成一个数 $r_c = \text{random}[0,1]$ ，若 $r_c < P_c$ ，则按下式进行交叉操作： $V_1' = r_c \times V_1 + (1-r_c) \times V_2$ ， $V_2' = r_c \times V_2 + (1-r_c) \times V_1$ 。其中， V_1, V_2 分别是父抗体； V_1', V_2' 分别为子抗体； P_c 是交叉概率。

(2) 按照变异步骤(2)的退火接受准则决定是否接受交叉后的解。

3.7 算法描述

具体算法描述如下：

(1) 随机在解空间产生初始抗体群 A ，并获取路由表初始信息，初始化种群规模 $popsiz$ ，交叉概率 P_c ，变异概率 P_m ，初始温度 T_0 。

(2) 计算抗体群中每个抗体的亲合度 $f(x_i)$ ， $i=1,2,\dots,popsiz$ 。

(3) 将第 i 个抗体克隆 $\text{INT}(\alpha \times N/i)$ 个，得到规模为 N_c 的克隆后抗体群 C ， $i=1,2,\dots,popsiz$ 。

(4) 对抗体群 C 进行克隆变异操作，变异后临时的抗体群为 M 。

(5) 对抗体群 M 进行克隆交叉操作，交叉后产生新抗体群 $A(k+1)$ ，并更新路由表。

(6) 当 $T_k=0$ 时，退火过程自然结束；否则， $T_{k+1} = T_k \times (1 - \frac{k}{M})$ ， $k=k+1$ ，返回到步骤(2)。

4 实验测试与结果分析

为了验证算法的有效性，将 ICAA 算法、目前流行的 P-Grid^[11]路由算法和 R-GA^[12]路由算法在不同规模的 P2P 系统中进行仿真实验。在仿真实验中，节点数从 100 增加到 1000。

实验中用的参数如下： $popsiz=100$ ， $P_c=0.85$ ， $P_m=0.01$ ， $T_0=1$ ， $\alpha=\gamma=0.3$ ， $\beta=\lambda=0.2$ 。

图 1 中显示的是 3 种算法在延迟方面的比较。对于 ICAA 算法而言，随着节点数目的增加，延迟增加并不明显，而且延迟时间总是最少的。而 P-Grid 算法随着节点数目的增加，延迟快速地增大。这表明 ICAA 路由算法在大规模 P2P 网络中更加可行，算法具有可扩展性。

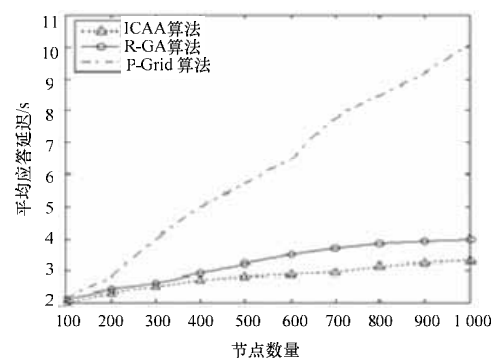


图 1 ICAA, R-GA 和 P-Grid 算法的延迟比较

模拟在 3000 个节点的 P2P 网络中 ICAA 算法、R-GA 算法和 P-Grid 算法的运行情况。从图 2 中可以看出，随着 P2P 规模的增大，ICAA 算法的运行时间并没有明显的增加，相对于 R-GA 算法和 P-Grid 算法而言，总的运行时间始终是最小的。因此该算法具有更高的执行效率。（下转第 230 页）