

Algorithme 2-approché pour la construction distribuée de réseaux moléculaires

Benoît Darties, Fabrice Theoleyre, Andrzej Duda¹

¹Grenoble Informatics Laboratory (LIG), CNRS / Grenoble INP. `firstname.lastname@imag.fr`

Nous proposons une approche distribuée pour la construction dans un réseau maillé de l'architecture associée à *Molecular MAC*, un protocole MAC multi-canaux. Ce protocole requiert l'attribution de rôles aux nœuds du réseau pour utiliser efficacement les différents canaux disponibles. Après avoir présenté une définition formelle du problème d'affectation de rôles, nous proposons un algorithme distribué menant à une solution 2-approchée. Nous montrons que cette version distribuée est auto-stabilisante et robuste aux changements de topologies.

Keywords: Molecular MAC, multicanal, réseaux maillés, 2-approximation, algorithme distribué

1 Introduction

Nous considérons des *réseaux radio multi-sauts* utilisant la norme IEEE 802.11 pour l'interconnexion de routeurs. Lorsque ces routeurs ne possèdent qu'une seule interface, les performances chutent rapidement du fait de problèmes de contention, de nombreuses topologies usuelles menant à des cas pathologiques [CDGL05]. Les performances d'un tel réseau dépendent fortement de l'efficacité de multiplexage spatial et temporel des transmissions. Certains protocoles MAC proposent de changer de canal de transmission à la demande. Parmi ces approches, MMAC (Multi-Channel MAC) [SV04] utilise un mécanisme de Rendez-Vous pour effectuer des réservations de canaux, utilisés ultérieurement pour l'échange des données. Une autre approche, proposée par Molecular MAC [NTHD09], étend IEEE 802.11 en tirant parti d'une architecture moléculaire, basée sur une distribution hétérogène de rôles et de canaux. Ces rôles différents permettent à la couche MAC de multiplexer efficacement les transmissions, résolvant ainsi le problème classique de surdité aux transmissions sur les autres canaux. Des simulations ont montré que Molecular MAC offrait des performances bien supérieures aux solutions de type IEEE 802.11 mono-canal et MMAC.

Nous nous intéressons ici au problème de construction de la structure associée à Molecular MAC. Molecular MAC requiert l'attribution de rôles (noyau ou électron) aux nœuds du réseau. Bien que de prime abord, Molecular se rapproche du clustering, des contraintes supplémentaires s'ajoutent. En effet, deux nœuds possédant le même rôle ne sont pas autorisés à communiquer directement, sans quoi le problème de la surdité apparaîtrait, bloquant des transmissions. Ainsi pour une instance donnée, nous devons garantir la connectivité du réseau tout en maximisant sa capacité.

Nous présenterons d'abord Molecular MAC brièvement, définirons le problème d'attribution de rôles et étudierons sa complexité. Nous détaillerons une 2-approximation distribuée. Par soucis de clarté, les explications se focalisent sur le cas des routeurs simple-interface bien que la solution se généralise aisément.

2 L'architecture associée à Molecular MAC

Nous présentons dans cette section les principes de fonctionnement de Molecular Mac. Tous les mécanismes MAC permettant d'utiliser plusieurs canaux pour les transmissions tout en évitant les problèmes de surdité et en n'utilisant ni canal de contrôle fixe ni point de rendez-vous sont décrits en détails dans [NTHD09]. Pour des raisons de place, nous nous focaliserons seulement sur la structure nécessaire. Chaque nœud se voit attribuer le rôle soit de *noyau*, soit d'*électron*. Par ailleurs, un noyau forme avec tous les électrons voisins radio un *atome*. L'union de tous les atomes forme une *molécule*, i.e. le réseau maillé entier. Un

électron appartient à tous les atomes voisins, envoyant ses données au noyau servant d'entité centrale. Chaque noyau utilisant un canal fixe sans interférence, nous tirons partie des bonnes performances de IEEE 802.11 dans un ensemble où tout le monde est à portée radio d'un noeud central. Cependant, pour éviter tout problème de surdité (un noeud ne sait pas quel canal est écouté par le récepteur), seules les communications noyau/électron sont autorisées. Dans la figure 1, les noeuds N et M sont les noyaux de deux atomes, les électrons B et C relayant le trafic entre atomes.

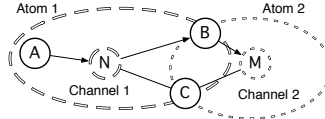


FIGURE 1: Deux atomes partageant deux électrons

Un problème ouvert concerne la façon de déterminer les rôles et les canaux des nœuds de sorte à maximiser les performances du réseau. Nous proposons ici une nouvelle méthode pour définir un réseau moléculaire, qui consiste à séparer le problème en deux parties : d'abord définir les rôles des nœuds, et ensuite allouer les canaux aux noyaux afin de minimiser les phénomènes d'interférences. Cette seconde partie, très proche des problèmes de coloration de graphe, a été largement étudiée dans la littérature (voir par exemple [KK06]). Nous étudions dans ce papier le problème consistant à trouver une affectation de rôles, qui garantit la connexité de la molécule résultante, tout en maximisant la somme des capacités des liens exploitables. Cet objectif nous paraît bien refléter les performances du réseau maillé, une allocation idéale de canaux permettant de tirer pleinement parti de cette capacité.

3 Formulation du problème

Nous modélisons le réseau par un graphe non orienté $G = (V, E)$ de n sommets et m arêtes, où les sommets V sont les nœuds et les arêtes E sont les liens radio entre deux nœuds. La notation $N(u)$ désigne l'ensemble des voisins de u . Une fonction $w : E \mapsto \mathcal{R}$ associe à chaque arête une valeur proportionnelle à la capacité du lien (e.g. le débit de IEEE 802.11, ou encore la différence entre un débit référence et le débit effectif, auquel cas ce poids peut prendre des valeurs négatives). Dans la structure résultat, un lien existe entre deux nœuds ssi l'une de ses extrémités est un noyau et l'autre un électron. Garantir la connexité du réseau implique l'existence d'une chaîne entre toute paire de nœuds alternant électrons et noyaux. Aussi l'union des arêtes reliant un électron à un noyau doit former un graphe biparti connexe incluant tous les nœuds du réseau. Formellement, trouver l'affectation de rôles maximisant la somme des capacités des arêtes peut se définir par un problème que nous appelons Max-EWCBS (Maximum-Edge-Weighted Connected-Bipartite Subgraph), présenté dans le tableau 1 :

Donnée :	un graphe $G = (V, E)$ et une fonction de poids $w : E \Rightarrow \mathcal{R}$
Résultat :	un graphe biparti connecté $G_B = (X, Y, E')$ où $X \cup Y = V^\dagger$, $E' \subseteq E$ et $E' = \{\{x, y\}\} / x \in X \text{ et } y \in Y$
Objectif :	maximiser $\sum_{e \in E'} w(e)$

TABLE 1: Le problème Max-EWCBS

Un autre moyen de définir une molécule connexe consiste à trouver dans $G = (V, E)$ un ensemble de nœuds $V' \subseteq V$, tel que les ensembles V' et $V - V'$ forment chacun un WCDS (Weakly Connected Dominating Set, cf. [CL02]) de G . Nous appelons un tel ensemble un R-WCDS (pour Reversible-WCDS). Il convient alors de maximiser la somme des poids des arêtes dont exactement une extrémité appartient à V' .

Les problèmes Max-EWCBS et Max-Weighted-Cut (version pondérée de Max-Cut) sont extrêmement liés lorsque les poids des arêtes sont strictement positifs. Une solution optimale de l'un est nécessairement une solution optimale de l'autre : en effet, on peut montrer que les arêtes d'une solution optimale pour Max-Weighted-Cut forment nécessairement un graphe biparti connexe. Cependant, ces problèmes diffèrent

†. L'ensemble X contient les noyaux, tandis que Y contient les électrons.

du fait même que les arêtes d'une coupe quelconque ne doivent pas nécessairement former un biparti connexe. Aussi les algorithmes d'approximation proposés pour ce dernier ne conduisent pas nécessairement à une structure connexe, élément primordial pour Max-EWCBS. De plus lorsque l'on admet l'existence de poids négatifs, les solutions optimales diffèrent puisqu'une solution optimale pour Max-Cut ne garantit plus nécessairement la connectivité du biparti qui la décrit.

4 Résolution centralisée de Max-EWCBS

Nous savons que le problème Max-EWCBS est NP-complet[‡]. Nous proposons ici un Programme Linéaire en Nombres Entiers (PLNE) pour résoudre de manière optimale ce problème. Pour garantir la connectivité de l'infrastructure résultante dans notre formulation en PLNE, nous faisons transiter une unité de flot depuis chaque sommet vers une destination $d \in V$ (ce flot ne dépend pas de la capacité d'un lien).

4.1 variables

Nous utilisons trois types de variables :

1. $\forall u \in V, role(u) \in \{0, 1\}$ vaut 1 si u est noyau, 0 sinon
2. $\forall e \in E, util(e) \in \{0, 1\}$ vaut 1 si e appartient à la structure résultat, 0 sinon.[§]
3. $\forall \{u, v\} \in E, f(u, v) \in [0, n-1]$ et $f(v, u) \in [0, n-1]$ désignent la quantité de flot sur le lien, respectivement dans le sens (u, v) et dans le sens (v, u) .

4.2 contraintes

Un lien e est utilisable seulement si ses deux extrémités ont des rôles différents. $util(e)$ est donc égal à 0 si ses deux extrémités sont des noyaux (eq.1) ou des électrons (eq.2). $util(e) = 0$ signifie un trafic nul sur le lien (eq.3). La loi de conservation des flots est exprimée par les contraintes 4, chaque nœud autre que d produisant une unité de flot. La destination d doit recevoir $(n-1)$ unités (eq.5) pour garantir la connectivité.

$$\forall \{u, v\} \in E \quad role(u) + role(v) + util(\{u, v\}) \leq 2 \quad (1)$$

$$\forall \{u, v\} \in E \quad util(\{u, v\}) \leq role(u) + role(v) \quad (2)$$

$$\forall \{u, v\} \in E \quad f(u, v) + f(v, u) \leq (n-1) \cdot util(\{u, v\}) \quad (3)$$

$$\forall u \in V - \{d\} \quad \sum_{v \in N(u) - \{d\}} f(v, u) + 1 = \sum_{v \in N(u) - \{d\}} f(u, v) \quad (4)$$

$$\sum_{u \in N(d)} f(u, d) = n - 1 \quad (5)$$

4.3 objectif

L'objectif est de maximiser la somme des poids des arêtes utilisables : $\max \sum_{e \in E} w(e) \cdot util(e)$.

5 Résolution distribuée avec garantie de performance

Nous proposons une 2-approximation distribuée : un nœud décide localement quel est le rôle qu'il doit prendre en maximisant une métrique de coût locale. Intuitivement, un nœud devrait choisir le rôle le moins choisi par ses voisins avec lesquels il possède un lien radio à capacité élevée. Afin de garantir la cohérence des décisions, nous définissons un ordre sur les nœuds, calculé localement. Cet ordre est donné par une variable que nous appelons `decision-date`, date arbitraire à laquelle le nœud décide du rôle à prendre. Nous proposons de nous baser sur l'envoi périodique de paquets `hello`s déjà utilisés dans les réseaux maillés pour la découverte de voisinage, tout en lui adjoignant certaines informations (id du leader, numéro de séquence et `decision-date`).

‡. la réduction est immédiate depuis une instance de Maximum-Cut, dès lors que l'on montre que les arêtes d'une coupe maximum forment une composante connexe

§. La formulation que nous adoptons permet de relâcher le domaine de ces variables, et de définir ces dernières en tant que variables continues sur $[0, 1]$. Cette optimisation offre un gain de temps significatif lors de la résolution opérationnelle du problème.

L'algorithme procède en vagues : un nœud prend une décision, qui va en engendrer d'autres en cascade. Dans un premier temps, l'algorithme élit un leader : chaque nœud propage l'identifiant du plus grand leader entendu auparavant, un numéro de séquence permet de détecter son départ éventuel. Le leader devient le premier dominant, et initialise une variable `decision-date` à zéro. Chaque nœud recevant un paquet `hello` avec un leader id supérieur procède de la manière suivante :

1. sa `decision-date` est initialisée à la `decision-date` de l'émetteur
2. il arme un temporisateur le fixant à un temps aléatoire $t_{backoff}$
3. après $t_{backoff}$, le nœud décide de son rôle : il doit maximiser la somme des poids des liens radio allant vers les voisins de rôle différent et avec une `decision-date` inférieure
4. le nœud incrémente la `decision-date` de $t_{backoff}$ et envoie son nouveau rôle dans un `hello`
5. le nœud stocke la `table-originators`, liste des voisins ayant une `decision-date` inférieure à sa propre `decision-date` au moment de la décision

Des décisions incohérentes peuvent être rencontrées si des paquets `hello`s sont perdus, deux nœuds ayant une vision erronée des rôles de chacun. Ainsi, un nœud qui reçoit un paquet `hello` d'un voisin ne faisant pas partie de sa `table-originators` mais qui possède une `decision-date` inférieure détecte un problème dans l'ordre des décisions : il re-évaluera donc juste son rôle avec la `table-originators` mise à jour. De même, un nœud pour lequel un nœud de sa `table-originators` a changé de rôle doit aussi ré-évaluer sa décision. Eventuellement, un changement de rôle engendrera des modifications en cascades chez les descendants.

Cet algorithme distribué fournit une 2-approximation : chaque nœud choisit de maximiser la somme des poids des liens radio qu'il ajoute en choisissant son rôle. À la fin de l'exécution, la somme des poids des liens ajoutés à la solution est au moins la moitié de la somme totale de tous les liens radios, ce qui conduit à une 2-approximation.

Le lecteur pourra noter qu'un tel algorithme est auto-stabilisant, convergeant vers un état légitime en un nombre fini d'étapes après une série de changements de topologie. Cependant, nous ne développerons pas ce point, par manque de place dans cet article.

6 Conclusion et perspectives

Nous avons proposé ici une définition formelle du problème visant à construire la structure associée à Molecular Mac, assignant les rôles au niveau de la couche MAC. Après avoir défini une résolution centralisée sous forme de PNLE, conduisant à un résultat optimal pour de petites instances, nous avons également présenté une version distribuée et auto-stabilisante menant à une 2-approximation. Nous n'avons pas présenté ici de résultats numériques, par manque de place. Cependant, la 2-approximation proposée mène à des performances acceptables, convergeant en peu de temps. Nous souhaitons maintenant nous intéresser à l'optimisation conjointe des rôles et canaux, afin d'obtenir des solutions avec garantie de performance incluant l'affectation de canaux.

Références

- [CDGL05] Claude Chaudet, Dominique Dhoutaut, and Isabelle Guerin Lassous. Performance issues with IEEE 802.11 in ad hoc networking. *IEEE Communications Magazine*, 43(7), 2005.
- [CL02] Yuanzhu Peter Chen and Arthur L. Liestman. Approximating minimum size weakly-connected dominating sets for clustering mobile ad hoc networks. In *MOBIHOC*. ACM, 2002.
- [KK06] Adrian Kosowski and Lukasz Kuszner. On greedy graph coloring in the distributed model. In *Euro-Par*, volume 4128 of *LNCS*. Springer, 2006.
- [NTHD09] Mohammad Nassiri, Fabrice Theoleyre, Martin Heusse, and Andrzej Duda. Molecular architecture for autonomic wireless mesh networks. submitted, http://membres-liglab.imag.fr/theoleyre/uploads/molecular_research_report.pdf, 2009.
- [SV04] Jungmin So and Nitin H. Vaidya. Multi-channel mac for ad hoc networks : handling multi-channel hidden terminals using a single transceiver. In *MOBIHOC*, Japan, 2004. ACM.