

Uma abordagem evolutiva para o problema de cobertura em Redes de Sensores sem fio

Frederico Paiva Quintão^{1*},
Geraldo Robson Mateus(Orientador) ,
Fabíola Guerra Nakamura (Co-orientadora)

¹LaPO: Laboratório de Pesquisa Operacional
Departamento de Ciência da Computação
Universidade Federal de Minas Gerais
Av. Antônio Carlos, 6670 – 31270-901 Belo Horizonte, MG

{fred,mateus,fgnaka}@dcc.ufmg.br

Abstract. *A Wireless Sensor Network (WSN) is a kind of ad-hoc network, with distributed processing and sensing capabilities, which can be used in a large number of applications. WSNs represent, nowadays, an area with interdisciplinary challenges, due to the peculiarities of these nets. In this work we discuss the Covering Problem in WSNs and present an exact way to solve this optimization problem and an approach based on Evolutionary Computing.*

Resumo. *Uma Rede de Sensores sem fio (RSSF) é um tipo especial de rede ad-hoc, com processamento e capacidade de sensoriamento distribuído, que pode ser usada em uma grande variedade de aplicações. As RSSFs representam atualmente uma área de desafios multi-disciplinares, dadas as peculiaridades destas redes. Neste trabalho é discutido o Problema de Cobertura em RSSFs e são apresentados um modelo exato e um baseado em Computação Evolutiva para solução deste problema.*

1. Introdução

Redes de Sensores sem Fio (RSSFs) são sistemas distribuídos que apresentam vários desafios em muitas áreas de estudo, devido às suas peculiaridades. Uma RSSF é composta por nós sensores, dispositivos autônomos que cooperam entre si de uma maneira *ad-hoc*, com o objetivo de realizar o sensoriamento de uma região, seja esta um ecossistema, uma região de guerra ou mesmo o estoque de uma fábrica. A existência destes pequenos dispositivos se deu graças aos avanços atuais nas áreas de micro-processamento, de materiais de sensoriamento e de sistemas micro-mecânicos. O pequeno tamanho e o preço inferior dos nós sensores em relação aos sensores fixos possibilita redes densas que por isso podem fornecer resultados com maior grau de precisão. Uma RSSF possui características únicas se comparadas com outras redes. A principal dessas características é a restrição de energia, dado que um nó sensor é alimentado apenas pela energia finita de uma bateria.

*Trabalho realizado com apoio do projeto SensorNet/CNPq.

Isto indica que a rede deve ser desenvolvida para ser tão eficiente em nível de energia quanto possível.

Existem diversas métricas para se determinar a Qualidade de Serviço de uma RSSF. Uma das principais diz respeito à porcentagem de área coberta, que é uma medida da habilidade da rede em detectar e observar um elemento na área a ser monitorada. Essa habilidade está diretamente relacionada ao raio de sensoriamento dos nós e ao posicionamento dos mesmos [Nakamura, 2003]. Em redes com uma alta densidade de nós vários problemas podem surgir, como congestionamento do meio e colisões de pacotes, o que aumenta a latência e o gasto de energia [Tilak et al., 2002]. Por outro lado, uma rede com alta densidade é uma rede com mais energia disponível e que pode fornecer mecanismos de tolerância a falhas, aumento da precisão e a existência de múltiplos caminhos para os dados [Tilak et al., 2002] [Vieira et al., 2003]. Um mecanismo de gerenciamento de densidade de nós deve então existir para controlar quantos e quais nós devem estar ativos e inativos de acordo com a precisão e demanda de cobertura requisitadas pela aplicação. Resume-se assim o Problema de Cobertura em RSSFs: garantir a Qualidade de Serviço requerida sem necessariamente realizar a ativação de todos os nós da rede, evitando desta maneira os problemas de colisão e congestionamento.

Neste trabalho é apresentado um mecanismo baseado em Computação Evolutiva que informa ao gerente ou ao observador da rede quais nós devem ser ativados e quais devem permanecer desligados (ou postos em modo *idle*, *sleep*, etc). Este mecanismo, de fato um algoritmo genético, funciona sob demanda: dado um conjunto N de nós que formam a rede, e um valor $n \leq N$, ele informará quais são os n nós que devem ser ligados (o termo *escalonamento de nós sob demanda* será usado para identificar este processo). O trabalho desenvolvido poderia ser integrado a alguma política de gerenciamento da rede, como a proposta em [Ruiz et al., 2003], a qual forneceria como parâmetro de entrada para o algoritmo o número n de nós (desejado, possível ou necessário) que podem estar ativos, e receberia como saída o conjunto de nós que deveriam ser ativados. Uma das principais vantagens desta abordagem sob demanda é que ela responde à precisão exigida pelo gerente/observador, além de aproveitar a abundância de energia em casos de redes densas. Não é objetivo deste trabalho usar as técnicas de algoritmos genéticos para calcular o menor valor para o número de nós que devem estar ativos na rede; para esta tarefa será mostrado um modelo de Programação Linear (PL) com o qual serão feitas comparações de resultados, de tal maneira que os valores fornecidos pelo modelo de PL serão usados como entrada para o algoritmo desenvolvido, a fim de verificar a convergência deste para os casos de demanda mínima. O trabalho está dividido como se segue: na Seção 2 serão apresentados alguns trabalhos relacionados; na Seção 3 serão mostrados o modelo proposto e as representações e operações que foram implementadas. O modelo de PL usado para comparações é apresentado na Seção 4. A Seção 5 apresenta resultados experimentais de alguns cenários. As considerações finais encontram-se na Seção 6.

2. Trabalhos relacionados

Existem na literatura diversos trabalhos que relacionam escalonamento de nós e cobertura em RSSFs, cada um modelando o problema de forma diferente. Meguerdichian *et al*, em [Meguerdichian et al., 2001], modelam a rede como um grafo, e aplicam sobre este os algoritmos de Voronoi e a triangulação de Delaunay, além de algoritmos clássicos de

busca em grafos. O resultado do modelo apresenta as regiões da rede que estão ricas em nós, e as áreas que estão pobres, ou seja, que apresentam uma deficiência de cobertura. Vieira *et al.*, em [Vieira et al., 2003], usam o algoritmo de Voronoi para identificar nós que estejam cobrindo uma mesma área, e sugerem o conceito de nós *backup* (nós redundantes que podem ser desligados). Megerian e Potkonjak em [Megerian and Potkonjak, 2003] apresentam um mecanismo no qual o problema do escalonamento é resolvido por um modelo de otimização baseado em Programação Linear Inteira (PLI). Slijepcevic e Potkonjak em [Slijepcevic and Potkonjak, 2001] modelam a rede através do Problema da Cobertura de Conjuntos (*Set Covering Problem*) e apresentam uma heurística para resolver este clássico problema NP-completo. Nakamura em [Nakamura, 2003] e Menezes em [Menezes, 2003] apresentam modelos mais complexos, baseados em PL, que resolvem não só o problema de cobertura mas também o problema de conectividade em Redes de Sensores sem Fio. Tilak, Abu-Ghazaleh e Heinzelman, em [Tilak et al., 2002], através de resultados experimentais com redes em vários cenários (como posicionamento aleatório de nós e posicionamento em grade) e usando diferentes algoritmos de roteamento (AODV, DSR e DSDV), mostram que métricas como número de pacotes entregues, latência, qualidade de resposta e eficiência energética são prejudicadas pela alta densidade, em virtude de colisões e congestionamento. Os autores sugerem que devam ser criados métodos de gerenciamento para controlar o uso dos recursos da rede, através, por exemplo, de escalonamento dos nós.

A principal diferença entre o trabalho aqui apresentado e os demais discutidos é que este trabalho, além de apresentar uma formulação de PL que calcula o número mínimo de nós, introduz um modelo de Computação Evolutiva que calcula o melhor conjunto de nós que devem ser ativados de acordo com a demanda da aplicação. Estes modelos são comparados com o intuito de verificar a eficácia do modelo de Computação Evolutiva, dado que este é um método aproximado.

3. Algoritmos genéticos para solução do problema da Cobertura em RSSFs

Um algoritmo genético é aquele em que os operadores biológicos de casamento, *crossing over* e mutação são implementados como funções computacionais sobre estruturas de dados. Trata-se de uma meta-heurística que combina possíveis soluções de um problema através dessas funções, a fim de obter soluções otimizadas ao longo de algumas gerações; são muito úteis nos casos em que a modelagem do problema apresenta uma função de otimização muito complexa, ou mesmo quando não há uma função de otimização explícita, isso porque eles possuem algumas características muito peculiares, como as citadas em [Haupt and Haupt, 1998]:

- Não requerem informações sobre derivadas das funções;
- Simultaneamente amostram uma grande quantidade de soluções, produzindo várias e não apenas uma solução;
- Conseguem escapar de mínimos locais mesmo em sistemas complexos;

O funcionamento de um algoritmo genético é baseado na teoria de Seleção Natural das Espécies de Charles Darwin; em virtude disso, vários termos das ciências biológicas (como cromossomo, gene e mutação) serão usados normalmente neste trabalho. Em seguida será apresentado como cada componente do algoritmo genético foi implementado.

3.1. Representação de parâmetros

O mecanismo implementado usa a codificação binária para representar os cromossomos. Cada cromossomo é representado por um vetor binário constituído por um número de genes igual ao número de nós que se deseja manter ativos na rede. Por exemplo, se deseja-se ativar $\theta = 10$ nós numa rede de 64 nós, tem-se que:

- Cada gene possui a representação binária do ID (número de identificação) de um nó e por isso o tamanho $T(gene)$ de cada gene é dado por:

$$T(gene) = \lceil \log_2 N \rceil = \log_2 64 = 6 \quad (1)$$

bits para cada gene, onde N é o número de nós na rede;

- Cada cromossomo terá portanto, o tamanho $T(cromossomo)$ de:

$$T(cromossomo) = T(gene) * \theta = 6 * 10 = 60 \quad (2)$$

bits para cada cromossomo, onde θ representa o número de nós que se deseja ativar na rede.

Como exemplo, um cromossomo que carregasse os IDs $\{2, 4, 10, \dots, 63\}$ em seus genes seria representado por:

000010	000100	001010	...	111111
--------	--------	--------	-----	--------

Apesar de à primeira vista esta representação ser limitada, deve-se notar que a rede não precisa necessariamente possuir um número de nós que seja potência de 2; de fato, se a rede possuir um número M de nós que não seja potência de 2, deve-se tomar $T(gene)$ como $\lceil \log_2 M \rceil$ (limite superior fornecido pela função teto) e os IDs inválidos (nós não existentes) podem ser representados tal que a posição deles seja marcada como infinito e/ou o raio de sensoriamento e a energia residual como nulos.

3.2. Função de Custo

Conforme dito, um algoritmo genético é uma meta-heurística para otimização. No caso do escalonamento de nós sob demanda em RSSFs, deve-se escolher os $n \leq N$ nós de maneira que se obtenha a maior cobertura possível e que sejam usados os nós com maior quantidade de energia, a fim de evitar que os nós pobres em energia sejam escolhidos e morram prematuramente. Ou seja, tem-se uma função de aptidão $f(Area, Energia)$ para se maximizar tal que:

$$f(Area, Energia) = \frac{\alpha}{AreaTotal} \sum_{k=1}^n Area_k + \frac{\beta}{EnergiaTotal} \sum_{k=1}^n Energia_k \quad (3)$$

onde $Area_k$ representa a área coberta pelo k -ésimo nó de um conjunto (leia-se de um cromossomo) e $Energia_k$ representa a energia deste nó. $AreaTotal$ representa a área total da região a ser monitorada e $EnergiaTotal$ representa a energia total disponível na rede (conjunto de todos os nós). O cálculo da energia de um cromossomo é feito simplesmente somando-se a energia contida em todos os nós deste cromossomo. Por sua vez, o cálculo da área coberta por um cromossomo é feito considerando-se que a área monitorada é formada por um conjunto de pontos e verificando-se se para cada ponto existe um sensor no cromossomo que o cobre. Por exemplo, uma área de $400m^2$ poderia ser discretizada em vários pontos, cada um no centro de um quadrado de $1cm^2$, exemplo proposto em [Nakamura, 2003]. Os valores de α e β devem ser escolhidos pelo gerente da aplicação de modo a ponderar a energia e a área coberta de acordo com a necessidade. Estes valores serão discutidos mais adiante quando forem tratados os resultados experimentais.

3.3. População inicial

A população inicial consiste basicamente de uma matriz de *bits* de tamanho $[PopInicial][T(cromossomo)]$, onde $PopInicial$ é um número inteiro que pode ser escolhido pelo gerente da aplicação. Esta matriz é gerada aleatoriamente através de uma distribuição uniforme. O valor de $PopInicial$ é geralmente um valor representativo. Entretanto, trabalhar com muitos indivíduos é uma tarefa computacionalmente muito cara, então o que se fez foi aplicar a função de aptidão sobre cada membro da população inicial e usar somente um valor par $TamPop < PopInicial$ de indivíduos mais adaptados (aqueles que fornecem os melhores resultados na função de aptidão). Este processo é chamado Seleção Natural. É sobre os $TamPop$ indivíduos que o algoritmo genético é executado, fazendo o casamento dos cromossomos para criar novas gerações.

3.4. Casamento e crossing over

Os indivíduos (cromossomos) que sobreviveram ao processo de seleção natural devem ser combinados a fim de gerar novos indivíduos. O que geralmente se faz é ordenar os cromossomos de acordo com o valor fornecido pela função de aptidão (equação 3). Os primeiros $\frac{TamPop}{2}$ são então combinados para gerar dois novos indivíduos que ocuparão o lugar dos últimos $\frac{TamPop}{2}$, uma vez que estes eram indivíduos menos aptos (os critérios para a escolha dos indivíduos que devem ser combinados são descritos adiante). Em seguida eles são reordenados e são feitas novas iterações a fim de criar mais gerações. Existem vários critérios para se fazer a escolha de noivos. Neste trabalho usa-se o critério aleatório, que consiste em gerar dois números aleatórios dentro do intervalo possível e casar os cromossomos correspondentes aos números gerados. Quando dois cromossomos são escolhidos, deve ocorrer o processo de *crossing over*. Nesse caso, é gerado um número aleatório inteiro positivo c menor do que $T(gene)$. Na posição c é feito o *crossing over*, que consiste em o primeiro filho receber os $c - 1$ primeiros *bits* do pai e os c últimos *bits* da mãe (incluindo o *bit* da posição c), e o segundo filho receber os $c - 1$ primeiros *bits* da mãe e os c últimos *bits* do pai (incluindo o *bit* da posição c).

3.5. Mutação

O processo de mutação consiste em trocar um *bit* de um cromossomo de 1 para 0 e vice-versa. A mutação permite maior liberdade ao algoritmo para procurar por soluções fora do espaço de parâmetros no qual este se encontra [Haupt and Haupt, 1998]. No algoritmo implementado, a mutação pode ocorrer apenas nos indivíduos filhos, e com uma probabilidade μ pequena, da ordem de 10%. É gerado um número aleatório que é comparado com o valor de μ . Caso seja menor, são gerados dois outros números, um que corresponde à linha e outro que corresponde à coluna que deve ter seu *bit* invertido. Este processo é repetido $\frac{TamPop}{2}$ vezes. Após os processos de casamento, *crossing over* e mutação a nova geração já está pronta. Os mesmos passos podem ser repetidos várias vezes a fim de criar novas gerações.

4. Modelo de otimização para o problema de cobertura em RSSFs

Para gerar resultados que serão comparados com os obtidos pelo algoritmo genético, foi usado um modelo de Programação Linear bastante similar ao modelo proposto em

[Nakamura, 2003]. Para esse modelo, o problema de cobertura pode ser interpretado como: *Dada uma área de monitoramento A , um conjunto de nós sensores S e um conjunto de pontos de demanda D (pontos discretizados que representam a área A), o Problema de Cobertura consiste em garantir para cada ponto de demanda $d \in D$ na área A que pelo menos um nó sensor $s \in S$ o cubra.* A seguinte notação foi utilizada na formulação:

S conjunto de nós sensores

D conjunto de pontos de demanda

A^d conjunto de arcos que conectam nós sensores e pontos de demanda

ER energia residual de um nó sensor

EH custo de não cobertura de ponto de demanda, que representa uma penalidade quando o ponto não é coberto.

A formulação utiliza as seguintes variáveis:

x_{ij} variável que indica se o nó i está cobrindo ponto de demanda j

y_i variável de decisão que possui valor 1 se o nó i está ativo e 0 caso contrário

h_j variável que indica não cobertura do ponto de demanda j .

Função Objetivo

$$\min \sum_{i \in S} \frac{1}{ER_i} \times y_i + \sum_{j \in D} EH_j \times h_j \quad (4)$$

sujeito a:

$$\sum_{ij} x_{ij} + h_j \geq 1, \forall j \in D \text{ e } \forall ij \in A^d \quad (5)$$

$$x_{ij} \leq y_i, \forall i \in S \text{ e } \forall ij \in A^d \quad (6)$$

$$0 \leq x_{ij} \leq 1, \forall ij \in A^d \quad (7)$$

$$h_j \geq 0, \forall j \in D \quad (8)$$

$$y \in \{0, 1\} \quad (9)$$

$$x, h \in \mathbb{R} \quad (10)$$

A função objetivo visa minimizar o número de nós ativos para garantir a cobertura dos pontos de demanda, ao mesmo tempo que busca escolher um conjunto de nós que tenha bastante energia residual. A restrição 5 garante que cada ponto de demanda que esteja no raio de sensoriamento dos nós seja coberto por pelo menos um deles e ainda garante a possibilidade de não cobertura do ponto de demanda, ou seja, se não existir nó sensor que alcance o ponto de demanda, a variável h_j referente a este ponto j terá valor diferente de 0. A restrição 6 garante que um nó só pode estar sensoriando se estiver ativo. As restrições 7 e 8 indicam os limites das variáveis x e h . A restrição 9 define a variável y como binária e a restrição 10 indica que as demais variáveis são reais. A solução ótima do modelo indica quais os nós são ativados e quais pontos de demanda estes estão cobrindo. Como o custo de não cobertura de um ponto de demanda é alto, se este possuir um sensor que o alcance este sensor estará ativo, ou seja, a variável h_j só terá valor diferente de zero quando não existir sensor que cubra o ponto j . Este modelo de otimização foi implementado como entrada para o pacote comercial de otimização CPLEX 7.0.

5. Resultados experimentais

Foi desenvolvida uma implementação para o algoritmo genético; ela funciona lendo os dados de posição e energia de cada nó e realizando as operações sobre a população de conjuntos de nós em algumas gerações. A seguir são apresentados os resultados obtidos para alguns cenários envolvendo redes homogêneas e heterogêneas.

5.1. Redes homogêneas

Redes homogêneas são aquelas nas quais considera-se que todos os nós possuem as mesmas características de hardware, quantidade de energia, dentre outras características. Nesta seção discute-se principalmente a convergência do algoritmo genético e também são feitas comparações com o modelo de otimização proposto na Seção 4. Inicialmente, é gerada uma configuração de rede que seria o cenário utilizado para os testes. A rede possui a seguinte configuração:

- 64 nós dispostos de maneira aleatória numa área de 2500 unidades de área (correspondendo a um quadrado de dimensões 50 x 50);
- Ao raio de sensoriamento de todos os nós é dado um valor de 15 unidades de medida de comprimento, e cada nó possui 3000 unidades de medida de energia residual.

Gerou-se o modelo de otimização para o cenário e este foi executado no CPLEX 7.0. Na execução, limitada a 3600 segundos, obteve-se que o menor número de nós a se ativar era 10, o que fornecia uma cobertura de 100% da rede. Foi feita uma segunda execução, esta limitada a 5400 segundos, onde o mesmo número de nós foi ativado e a mesma cobertura foi obtida. A Figura 1 mostra os nós que foram ativados pelo modelo de otimização na primeira execução. Em seguida, configurou-se o algoritmo genético para ativar 10 nós

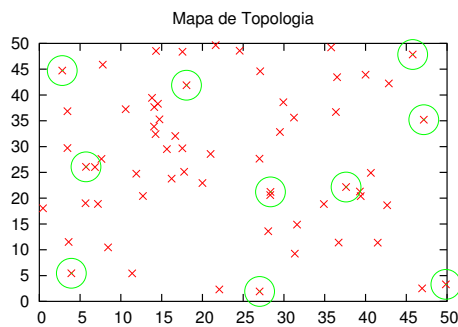


Figura 1: Resultado do CPLEX

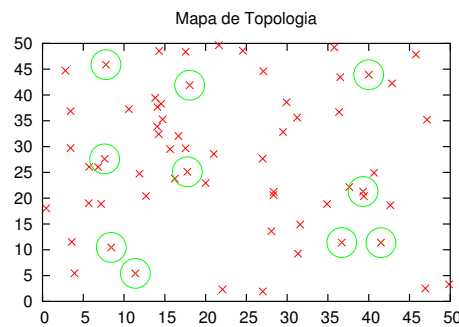


Figura 2: Resultado do algoritmo genético

nesta mesma rede. O algoritmo foi executado com os seguintes parâmetros:

- Número de gerações: 50, $PopInicial = 128$ e $Tampop = 64$
- Probabilidade de mutação = 10%, $\alpha = 0.25$ e $\beta = 0.75$.

A Figura 2 mostra os nós que foram ativados pelo algoritmo genético. A Figura 3 traz o gráfico da cobertura obtida em cada geração da rede homogênea e a Figura 4 o gráfico da aptidão global (aptidão do melhor indivíduo em cada geração, valor fornecido pela equação 3) e também a aptidão média, que é a média aritmética da aptidão de todos os

cromossomos de uma determinada geração, e que mostra como é a evolução da população ao longo do tempo. Observe que o algoritmo conseguiu ativar um conjunto de nós que cobrisse 100% da área a ser monitorada. O gráfico da energia não é mostrado em virtude de o mesmo ser uma reta (note que na rede homogênea qualquer cromossomo de $n < N$ sensores possui a mesma quantidade de energia desde que dois ou mais de seus genes não carreguem em si IDs repetidos – caso isso ocorra este cromossomo terá menos energia e possivelmente será descartado). Deve-se notar que existe uma diferença sutil nos testes

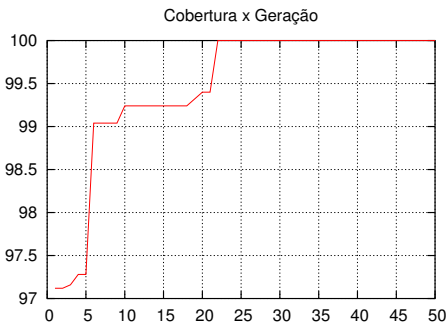


Figura 3: Cobertura

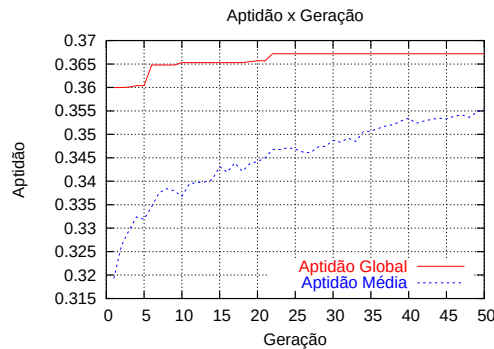


Figura 4: Aptidão

apresentados acima. No CPLEX, objetivava-se ativar o menor número possível de nós. No algoritmo genético, 10 nós eram ativados sob demanda (nesse caso a demanda mínima). Os testes foram feitos para mostrar a convergência do algoritmo genético, o que de fato ocorre, pois o comportamento do mesmo sugere convergência até para o caso de demanda mínima. Se por algum motivo os requisitos da aplicação não forem satisfeitos por esta demanda (talvez por que o observador exige maior precisão nos dados ou são necessárias mais amostragens), o gerente pode optar por ativar mais nós, obtendo assim uma rede mais densa.

5.2. Redes heterogêneas

Esta seção é muito importante pois, por natureza, toda RSSF é heterogênea, tendo em vista que os nós nunca vão gastar sua energia de maneira igualitária. Geralmente nos estudos considera-se a rede como sendo homogênea por motivos de simplificação dos modelos. Entretanto, nós que estão mais perto dos fenômenos deverão consumir mais energia com processamento; aqueles perto do nó sorvedouro deverão rotear mais pacotes, gastando mais com comunicação; sensores próximos a situações calamitosas podem ter seu raio de sensoriamento afetado, diminuindo a precisão. Outra situação em que haverá discrepância entre os nós é aquela em que a rede sofreu uma reposição de nós, ou seja, o gerente resolveu interferir lançando sobre a área monitorada novos nós (após, por exemplo, a descoberta de regiões pobres em nós com o uso de técnicas como as descritas em [Meguerdichian et al., 2001]). Com base nessa realidade, o modelo também foi desenvolvido para ser aplicável em redes heterogêneas. O procedimento seguido foi bastante semelhante ao dos testes anteriores, gerando-se um cenário para testes. A rede possui o mesmo tamanho e a mesma quantidade de nós dispostos de maneira aleatória. Entretanto, são feitas considerações diferentes:

- Cada nó possui um valor aleatório entre 2500 e 5000 unidades de medida de energia;

- Para o raio de sensoriamento foi usado o modelo linear apresentado em [Nakamura, 2003], em que se considera a precisão do sensoriamento proporcional à quantidade de energia de um nó, de acordo com a seguinte relação:

$$R_s = f_s * Energia \quad (11)$$

onde R_s é o raio de sensoriamento, f_s é um fator de decaimento e $Energia$ representa a energia residual instantânea de um nó. O valor de f_s foi configurado em 0.004, o que fornece um raio de sensoriamento mínimo de 10 e um raio de sensoriamento máximo de 20 unidades de medida de comprimento.

O CPLEX ativou 8 nós, obtendo cobertura de 100% da rede, com a execução limitada a 7200 segundos. A Figura 5 mostra os nós que foram ativados no CPLEX. Em seguida configurou-se o algoritmo genético para ativar o mesmo número de nós, obtendo como resultado a topologia mostrada na Figura 6. Os valores de $PopInicial$, $TamPop$, número de gerações, α , β e a probabilidade de mutação são os mesmos usados nos testes com redes homogêneas. Como resultado, obteve-se a cobertura de 99,6% da rede, e, apesar de ativar apenas 12,5% dos nós da rede, o algoritmo conseguiu escolher um conjunto para ativar tal que a energia deste representa 15,3% da energia total disponível na rede. No CPLEX, o conjunto escolhido possuía um total de energia correspondente a 14,8% da energia total disponível. Este fato é de extrema importância, tendo em vista que nós com pouca energia não devem ser ativados pois podem morrer e prejudicar o desempenho da rede.

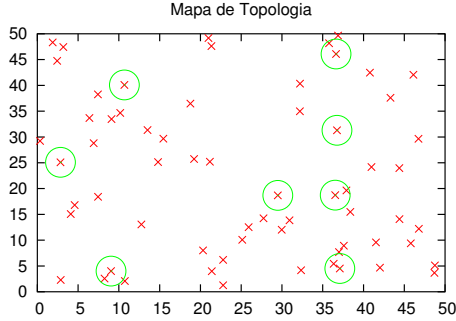


Figura 5: Resultado do CPLEX

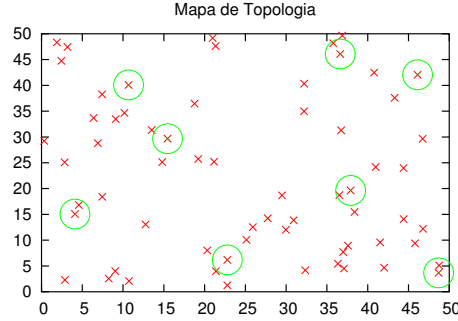


Figura 6: Resultado do Alg. genético

Aproveitando a mesma topologia, foi feito um teste em que se deseja ativar um número maior de nós, por exemplo, 16 nós. Este é o caso em que o gerente precisa de uma rede que forneça resultados com maior precisão ou necessita de mais amostragens, ativando assim, mais nós. As Figuras 7, 8 e 9 mostram como foram as evoluções da energia, cobertura e aptidão global e média para o teste feito anteriormente (com 8 nós) e para o teste feito ativando-se 16 nós. Nesse último caso, obteve-se a cobertura de 100% facilmente, e, apesar de ativar 25% dos nós da rede, o algoritmo escolheu um conjunto com 30,3% da energia total disponível. O que mais se destaca na análise destes gráficos é a ocorrência de pontos de derivadas negativas nos gráficos de energia e cobertura. Essa característica não se reflete no gráfico da aptidão global, pois a cada geração o indivíduo mais apto é mantido. O aparecimento de picos e vales ocorre por causa do compromisso existente entre os valores de α e β , de como a energia e/ou a cobertura é ponderada. Em

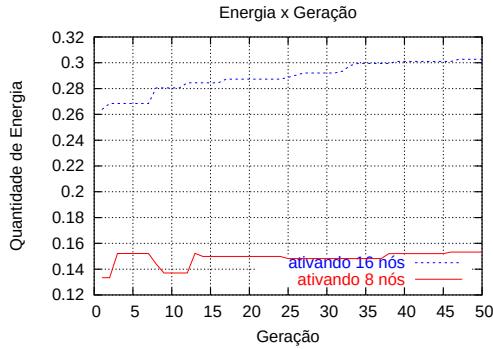


Figura 7: Energia

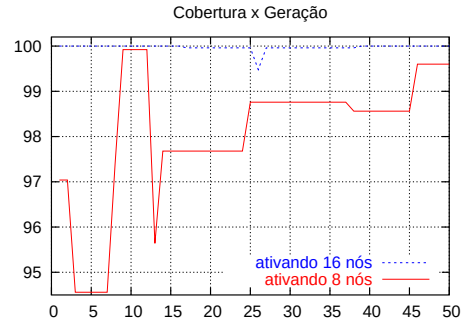


Figura 8: Cobertura

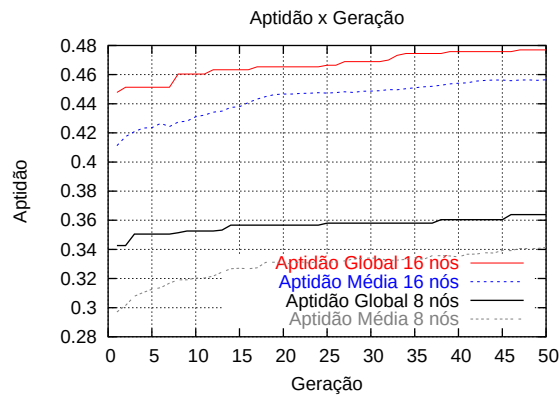


Figura 9: Aptidão obtida em cada geração da rede heterogênea

alguns testes notou-se que um pequeno aumento na energia pode prevalecer sobre um grande decréscimo na cobertura, quando a energia possui maior peso ($\alpha < \beta$), e vice-versa. Estes valores devem ser configurados pelo gerente de acordo com as necessidades da aplicação.

6. Conclusões e trabalhos futuros

Neste trabalho foi apresentada uma nova abordagem para o problema de cobertura em RSSFs, baseada em algoritmos genéticos, que pode ser usada em cenários diferentes e em conjunto com políticas de gerenciamento da rede, como a proposta em [Ruiz et al., 2003]. Neste trabalho não foi tratado o problema da conectividade, tendo em vista que para as características atuais de sensores e para as redes densas que são consideradas para este modelo, o problema de comunicação/conectividade pode ser tratado usando outras técnicas, ou mesmo desconsiderado, como mostram Wang *et al* em [Wang et al., 2003] (onde prova-se que se o raio de comunicação for pelo menos duas vezes maior do que o raio de sensoriamento, resolver o problema da cobertura implica em resolver o problema da conectividade).

Uma das principais contribuições deste trabalho é a apresentação de uma solução para o problema do escalonamento de nós e cobertura em redes heterogêneas, que ainda não havia sido abordado em profundidade em estudos teóricos, mas que em virtude da

realidade das redes de sensores deve ser levada em consideração. Além disso, a execução do modelo de otimização sobre problemas de grandes instâncias torna-se inviável, e exige software adequado e amplo poder computacional (foi usada uma estação de trabalho Sun-Blade 100 de 1GB RAM para os testes com o CPLEX). Assim sendo, é interessante propor novas técnicas que, mesmo sendo aproximadas, apresentem resultados satisfatórios em tempo hábil (com o tempo gasto em uma execução do CPLEX executa-se o algoritmo genético mais de uma centena de vezes).

Como trabalhos futuros pretende-se desenvolver novas estratégias de codificação de parâmetros, que sejam mais robustas e apresentem melhor desempenho computacional, bem como estudar e propor técnicas eficientes de escalonamento distribuído de nós, no qual não se exige interferência de gerentes/observadores, o que seria altamente desejável em Redes de Sensores sem Fio.

Referências

- Haupt, R. L. and Haupt, S. E. (1998). *Practical Genetic Algorithms*. John Wiley & Sons, Inc.
- Megerian, S. and Potkonjak, M. (2003). Low power 0/1 coverage and scheduling techniques in sensor networks. Technical report, UCLA Technical Reports.
- Meguerdichian, S., Koushanfar, F., Potkonjak, M., and Srivastava, M. B. (2001). Coverage problems in wireless ad-hoc sensor networks. In *INFOCOM' 01*. IEEE.
- Menezes, G. C. (2003). Modelos e algoritmos para definição da densidade e posicionamento dos nós em uma rede de sensores sem fio. Technical report, DCC/UFMG.
- Nakamura, F. G. (2003). Planejamento dinâmico para controle de cobertura e conectividade em redes de sensores sem fio planas. Master's thesis, Universidade Federal de Minas Gerais.
- Ruiz, L. B., Braga, T. R., Silva, F. A., Nogueira, J. M., and Loureiro, A. A. (2003). Service management in wireless sensors network. In *LANOMS 2003*. IEEE.
- Slijepcevic, S. and Potkonjak, M. (2001). Power efficient organization of wireless sensor networks. In *IEEE International Conference on Communications (ICC) 2001*. IEEE.
- Tilak, S., Abu-Ghazaleh, N., and Heinzelman, W. (2002). Infrastructure tradeoffs for sensor networks. In *ACM 1st International Workshop on Sensor Networks and Applications (WSNA'02)*. ACM.
- Vieira, M. A. M., Vieira, L. F. M., Ruiz, L. B., Loureiro, A. A. F., Fernandes, A. O., and Nogueira, J. M. S. (2003). Scheduling nodes in wireless sensor networks: A voronoi approach. In *28th Annual IEEE International Conference on Local Computer Networks*. IEEE.
- Wang, X., Xing, G., Zhang, Y., Lu, C., Pless, R., and Gill, C. (2003). Integrated coverage and connectivity configuration in wireless sensor networks. In *First international conference on Embedded networked sensor systems*. ACM.