

ADAPTACIÓN DEL ALGORITMO GENÉTICO PARA LA CREACIÓN DE ÁRBOLES DE ENRUTAMIENTO EN UNA RED DE SENSORES INALÁMBRICA

GENETIC ALGORITHM ADAPTATION FOR THE CREATION OF ROUTING TREES INTO A WIRELESS SENSOR NETWORK

Ángela María Rodríguez-Vivas, MSc

*Universidad del Cauca.
Popayán, Colombia.
arodriguezvivas@unicauca.edu.co*

Juan Carlos Corrales-Muñoz, Ph.D.

*Universidad del Cauca.
Popayán, Colombia.
jcorral@unicauca.edu.co*

(Recibido el 21-03-2013. Aprobado el 28-06-2013)

Resumen. El enrutamiento en redes de sensores inalámbricas (*Wireless Sensor Networks, WSN*) es un factor de incidencia en su longevidad; en aplicaciones como la agricultura de precisión es primordial preservar el tiempo de vida de los nodos sensores, porque la ubicación del campo de despliegue (terrenos montañosos) no permite usualmente recargar sus baterías. En este artículo se propone una adaptación al algoritmo genético de tal forma que genere árboles de enrutamiento para WSN en el contexto de la agricultura de precisión. La adaptación consiste en incluir en el algoritmo parámetros de dicho contexto y en determinar, a través de la experimentación, cuál método de selección se adecua mejor a la solución, según el tiempo de convergencia del algoritmo.

Palabras clave: Árbol de enrutamiento; longevidad de una red; algoritmo genético; agricultura de precisión; red de sensores inalámbrica.

Abstract. Routing is an impact factor for wireless sensor networks (WSN) longevity; in applications like precision agriculture is essential to preserve the sensor nodes lifetime because deployment field (hilly land) location usually does not allow to recharge their batteries. In this paper a genetic algorithm adaptation in order to generate routing trees for WSN in the context of precision agriculture is proposed. The adaptation consists of including in the algorithm parameters from such a context, and of determining by means of experimentation the selection method that is best suited to the solution according to the convergence time of the algorithm.

Keywords: Genetic algorithm; routing; wireless Sensor networks.

1. INTRODUCCIÓN

Una red de sensores inalámbrica (WSN, por sus siglas en inglés) consiste en un conjunto de dispositivos distribuidos espacialmente, conocidos como nodos sensores, que se asemejan a un microcomputador ya que poseen unidad de memoria, procesamiento, radiofrecuencia y sensado, al igual que una fuente de energía que consiste en una batería limitada; de ahí que los nodos son restringidos en términos de energía [1], [2].

Estas redes se programan para recolectar datos del ambiente circundante, que son enviados por medio inalámbrico, en forma de paquetes, hacia una estación base remota también conocida como 'nodo recolector' o 'pasarela'. Igualmente los nodos sensores tienen la capacidad de comunicarse entre ellos de manera inalámbrica.

Del amplio rango de aplicaciones de las WSN, entre las que se encuentran los sistemas de advertencia de desastres, el cuidado de la salud, la automatización del hogar, la vigilancia y el monitoreo ambiental, se puede destacar la agricultura de precisión. La agricultura de precisión es un concepto agronómico de gestión de parcelas agrícolas, basado en el estudio de la existencia de variabilidad en campo, cuyo fin es incrementar los niveles de producción a través del análisis costo-beneficio [3].

En los proyectos de agricultura de precisión, la inclusión de las WSN como herramienta de apoyo tecnológico ha aportado avances significativos para el monitoreo de los cultivos, como se evidencia en los proyectos documentados en [4] - [11], ejecutados en diferentes regiones del mundo con diferentes productos agrícolas.

En el contexto de la agricultura de precisión, las WSN cuentan con características como: despliegue escaso de nodos (en regiones en vía de desarrollo los nodos están espaciados hasta 100 m.), recolección periódica de datos, recorridos extensos de los paquetes de datos (debido a la extensión de las parcelas). La longevidad de la red debe alcanzar por lo menos seis meses que corresponde al periodo de sembrado. Además, la ubicación de las parcelas de los cultivos (pueden ser terrenos montañosos), usualmente no permite recargar las baterías de los nodos.

Teniendo en cuenta este contexto y su expectativa de longevidad de la red, una fase crítica de la operación de la WSN es la transmisión de datos. Esto se debe al uso del módulo de radiofrecuencia que es el principal consumidor de potencia en la red. En trabajos como [2], [11] se afirma que el costo de la energía requerida para transmitir los datos, excede el costo requerido para realizar cualquier otra tarea como procesarlos y/o almacenarlos.

Consecuentemente Gupta, Kuila y Jana [12] afirman: "Un enrutamiento de datos eficiente en energía a través de los nodos, es bastante importante para reducir su consumo energético". Por su parte los autores de [13] concluyen: "El tiempo de vida de una WSN puede variar considerablemente, dependiendo del esquema de enrutamiento usado".

El Algoritmo Genético (AG) es un algoritmo de optimización que trabaja con búsqueda probabilística, basado en los conceptos de selección y evolución naturales. Los trabajos documentados en [12] - [17] usan el AG para definir esquemas de enrutamiento de WSN que evalúan la energía de la red y la distancia de los recorridos de los paquetes. Se observa que en estos trabajos el método de selección del AG se escoge de manera indiferente.

En el presente artículo se propone un esquema de enrutamiento para WSN en el cual se adapta el AG de acuerdo a características de las redes usadas en agricultura de precisión. El aporte de este trabajo, respecto a los trabajos documentados en [12] - [17], está en dos partes de la adaptación del algoritmo: primero, la función de aptitud incluye parámetros no tenidos en cuenta en los trabajos previos y, segundo, el método de selección usado se escoge de acuerdo al tiempo de convergencia del algoritmo.

Las pruebas realizadas se enfocaron en determinar cuál método de selección se comporta de manera favorable, respecto al criterio de tiempo de ejecución del algoritmo, para una WSN con topología de árbol.

2. VISTA GENERAL DEL ALGORITMO GENÉTICO

El algoritmo genético es un método adaptativo que se usa para resolver problemas de optimización; sus principios fueron descritos rigurosamente por John Holland en los años 60.

El AG inicia con un conjunto de posibles soluciones generadas aleatoriamente conocidas como *pobla-*

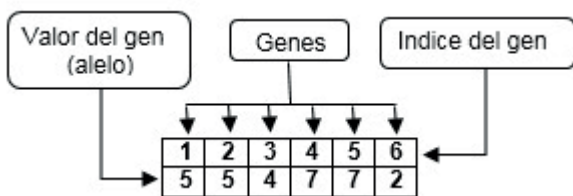


Fig. 1. Un cromosoma de 6 genes.

ción inicial. Cada solución individual en una población se representa por un arreglo de *genes* y se denomina *cromosoma* o *individuo*, todos con igual longitud. El valor del gen se llama alelo (ver Fig. 1).

En el AG se dispone de una *función de aptitud* que asigna un *valor de aptitud* a cada individuo, basado en qué tan cerca está de la solución óptima. Es gracias a la personalización de esta función que el AG se adapta a diversas aplicaciones; este es el soporte para el siguiente paso del AG que es la selección.

De la población inicial se seleccionan pares de cromosomas (*padres*), dependiendo de su valor de aptitud, que intercambian su información genética para generar dos cromosomas *hijos* (*descendencia*) mediante el proceso de *cruce*. Para producir una mejor solución los cromosomas hijos experimentan la *mutación*, restableciendo los valores genéticos perdidos cuando la población *converge* demasiado rápido.

Los cromosomas resultantes conforman la *siguiente generación*. Para asegurar que esta nueva generación es por lo menos tan apta como la previa, algunos de sus individuos más pobres (en desempeño) se reemplazan por el mismo número de individuos de la generación previa que mostraron un mejor desempeño. Este proceso se llama *elitismo*.

El ciclo completo se repite hasta que se encuentra el *criterio de parada* del algoritmo (ver Fig. 2). Detalles del funcionamiento del AG pueden ser consultados en [18], [19].



Fig. 2. Diagrama de flujo del Algoritmo Genético.

3. MODELO DE RED

El algoritmo propuesto está enfocado en realizar el enrutamiento en una WSN que está desplegada en un campo de cultivo, del tal manera que se contribuya con la longevidad de la red. Para tal fin es necesario fijarse en el comportamiento de las WSN cuando se usan en agricultura de precisión y, a partir de este, adaptar el AG.

Para esto se realizó un análisis de los artículos [4] - [11] donde se documentan proyectos de agricultura de precisión que usan una WSN, y se extrajeron los factores que influyen durante la fase de transmisión de datos por la red. La lista de estos parámetros se muestra en la Tabla 1.

Tabla 1. Parámetros que influyen en la fase de transmisión de datos en una WSN.

Parámetro	Trabajo	[4]	[5]	[6]	[7]	[8]	[9]	[10]	[11]
Posición de los nodos.					✓	✓	✓	✓	
Energía residual del transmisor.	✓					✓		✓	
Energía residual del receptor.					✓		✓		
Energía residual de todos los nodos vecinos.					✓		✓		
Indicador de calidad de enlace (LQI, Link Quality Indicator).	✓	✓	✓	✓	✓			✓	
Cantidad de saltos hasta la estación base.			✓	✓	✓				✓
Frecuencia de transmisión.								✓	
Nivel del nodo fuente en el árbol.				✓					
Energía residual del jefe de clúster (Fortaleza de la señal).						✓			
Velocidad de bits del radio.						✓		✓	
Capacidad de memoria disponible de los nodos.								✓	
Velocidad del muestreo de la variable del nodo.								✓	

Igualmente, de acuerdo al estudio de las características de los proyectos mencionados, se definió que se trabajará con una red jerárquica con n nodos multisalto y una estación base potente conectada a una fuente de energía, como la que se muestra en la Fig. 3. Así mismo, se trabajará sobre los siguientes supuestos:

- Los nodos sensores se despliegan de manera aleatoria y son estacionarios después del despliegue.
- Siendo una aproximación centralizada, nuestro algoritmo asume que la ubicación exacta de los nodos es conocida de antemano a través de algún sistema de localización como el GPS.
- Cada periodo de recolección y transmisión de datos, agregados desde todos los nodos hacia la estación base, es referida como una *ronda*.
- Un enlace inalámbrico se establece entre dos nodos sólo si ellos están dentro del rango de comunicación del otro.
- El esquema de enrutamiento se calcula en alguna entidad centralizada (por ejemplo, la estación base).
- En una ronda de recolección de datos la estación base recibe datos de todos los nodos. Cada sensor adquiere las muestras de los datos requeridos para su entorno, agrega algún paquete de entrada desde sus vecinos y lo reenvía a su padre o a la estación base.

- La red es homogénea, es decir que la energía inicial de todos los nodos es la misma.

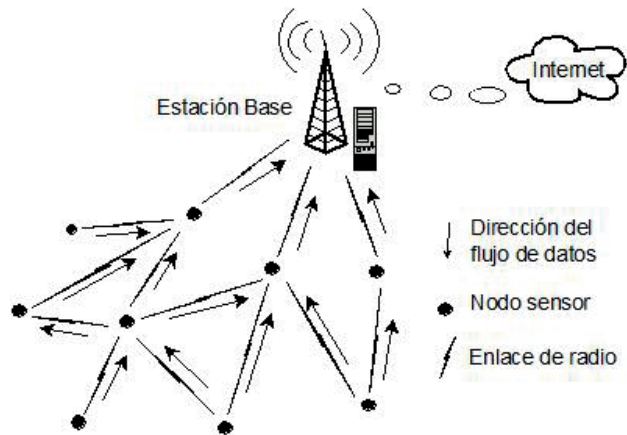


Fig. 3. Esquema de una WSN.

4. ADAPTACIÓN DEL ALGORITMO GENÉTICO PARA ENRUTAMIENTO

Según los autores del artículo documentado en [20], una WSN puede modelarse como un grafo ponderado donde los vértices son los nodos sensores, las aristas representan posibilidad de comunicación entre un par de nodos y la ponderación corresponde al valor de los parámetros que influyen en dicha comunicación.

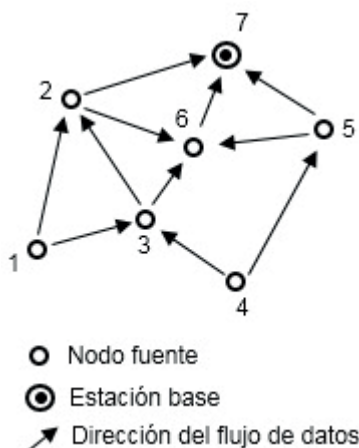


Fig. 4. Dígrafo que representa una WSN.

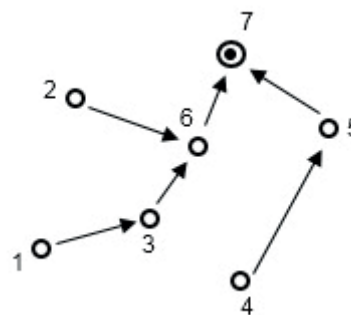
En el presente trabajo, una WSN como la de la Fig. 3 se modela como un grafo donde los n , nodos de la red, se etiquetan con 1, 2, 3, ..., n y la estación base se etiqueta como $n+1$. Existe una arista entre dos nodos si se encuentran dentro del mismo rango de comunicación; además, existe flujo de datos desde un nodo i hasta un nodo j ($i \rightarrow j$) siempre que el nodo j esté más cerca de la estación base que el nodo i .

Así, una representación apropiada para la WSN es un dígrafo como el que se aprecia en la Fig. 4. Aquí se nota que el nodo 3 tiene, en su rango de comunicación, a los nodos 1, 2, 4 y 6 y que los nodos 2 y 6 están más cerca de la estación base que él mismo.

4.1 Representación del cromosoma

La solución al enrutamiento implica convertir el grafo de la Fig. 4 en un árbol (red jerárquica), de manera que resulte un único camino desde cada nodo hasta la estación base. En términos de la teoría de grafos esto es un *grafo dirigido acíclico* o árbol dirigido como el de la Fig. 5(a).

Siendo el cromosoma (para el AG) la solución al problema de optimización, en este caso un cromosoma debe representar el esquema de enrutamiento que ilustra la Fig. 5(a). Así, en la presente propuesta, el cromosoma tiene una longitud igual a la cantidad de nodos de la red, donde el índice de cada gen se refiere a la etiqueta del nodo fuente y el alelo indica quién es su nodo de próximo salto (ver Figura 5(b)). De esta manera el cromosoma define la ruta desde cada nodo hasta la estación base.



(a) Árbol dirigido.

Nodos fuente	1	2	3	4	5	6
Nodos de próximo salto	3	6	6	5	7	7

(b) Cromosoma que representa al árbol dirigido.

Fig. 5. Solución de enrutamiento de la WSN.

En la Fig. 5 se muestra un programa de enrutamiento para la red de la Fig. 4. El valor del gen en la posición 1 es 3, indicando que el nodo 1 selecciona al nodo 3 para transmitirle sus datos. El nodo 3, a su vez, escoge al nodo 6 y el valor en 6 es 7, indicando que el próximo nodo es la estación base. Por lo tanto la ruta completa de recolección de los datos del nodo 1 se expresa como el camino $1 \rightarrow 3 \rightarrow 6 \rightarrow 7$.

4.2 Población inicial, función de aptitud y selección

Si bien el cromosoma de la Fig. 5(b) brinda una solución de enrutamiento a la red de la Fig. 4, existen más soluciones ya que se pueden generar diferentes caminos desde los nodos fuente hasta la estación base. Por ejemplo, una ruta alterna para el nodo 1 podría ser $1 \rightarrow 2 \rightarrow 7$.

En la presente adaptación del AG, la población inicial es una colección de cromosomas generados aleatoriamente, donde cada uno corresponde a un esquema de enrutamiento válido para la red. Un cromosoma es válido cuando el valor de cada gen, en la posición i , se ha seleccionado entre los nodos candidatos a ser próximo salto de i ; es decir, que estén dentro de su rango de comunicación y que estén más cerca de la estación base que él mismo. Por ejemplo, para la red de la Fig. 4 el valor del gen, en la posición 2, puede ser 6 o 7.

La función de aptitud se define de manera que evalúe cuál esquema de enrutamiento (cromosoma) contribuye, en mayor medida, con la longevidad de la red. Para esto se acude a los parámetros de la Tabla 1 porque éstos influyen en la transmisión de los datos por la red y ésta es una fase crítica para su longevidad. Se toman entonces los siguientes parámetros: distancia total cubierta por los caminos resultantes y niveles del árbol.

El parámetro ‘niveles del árbol’, a su vez, está compuesto por tres factores a saber: la cantidad de niveles del árbol, los nodos hoja árbol (nodos del último nivel; es decir, nodos que no tienen hijos en el árbol) y los nodos de cada nivel. Estos factores agrupados se convierten en la función mostrada en (1).

$$N = \binom{n_h}{k} \times \left(\sum_{i=1}^k (n_i \cdot i) \right) \quad (1)$$

Donde N es el valor para ‘niveles del árbol’ que corresponde a la evaluación parcial de cada cromosoma, n_h es la cantidad de nodos hoja, k es la cantidad de niveles, n_i es la cantidad de niveles del nivel i . Es importante tener en cuenta que el valor mostrado en (2) debe ser igual a la cantidad total de nodos de la red.

$$\sum_{i=1}^k n_i \quad (2)$$

Así, cada individuo se evalúa por una función como la mostrada en (3).

$$Aptitud(c) = \left(\frac{N}{D} \right) \quad (3)$$

Donde c es el cromosoma que se está evaluando, D la suma de la distancia recorrida por todos los nodos de la red y N es la sub-función de niveles del árbol, especificada en la ecuación (1).

Para el proceso de selección se han considerado dos alternativas: el *método de la ruleta* o la *selección por torneo*, que son los que predominan en los trabajos relacionados analizados. Con el *método de la ruleta* los cromosomas con mayor valor de aptitud tienen más probabilidad de ser seleccionados como padres; mientras que en la *selección por torneo* se barajan los individuos de la población y se escogen algunos para compararlos en base a su aptitud, así

se selecciona al ganador del ‘torneo’ como el individuo más apto [18].

Para determinar el método de selección del AG, de la presente propuesta, se comparó el tiempo de procesamiento del AG con cada uno de ellos. Estas pruebas se documentan en la sección 4.5

4.3 Cruce

Se utiliza el cruce de único punto, en el que los padres usan su información genética para producir los hijos como sigue: parte de los cromosomas padres se intercambian en algún punto de cruce que se selecciona aleatoriamente. El proceso se ilustra en la Fig. 6.

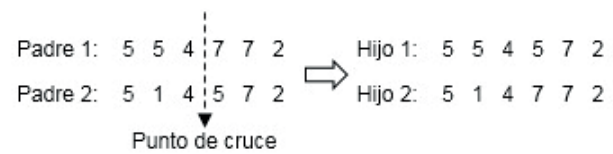


Figura 6. Operación de cruce.

4.4 Mutación

El proceso de mutación se adapta de la siguiente manera: en el cromosoma resultante se selecciona el gen que introduce la mayor cantidad de saltos en una ronda y se le llama *nodo crítico*. Sea i el nodo crítico y j su nodo de próximo salto; se reemplaza este último por un nuevo nodo z de tal forma que el camino $i \rightarrow z$ debe conducir hasta la estación base con una menor cantidad de saltos que el camino $i \rightarrow j$, y no incrementar la distancia total del camino desde i hasta la estación base.

En el caso de la red de la Fig. 5, puede ser 1 el nodo crítico. Entonces durante el proceso de mutación se reemplazaría el alelo del índice 1 (que es 3) por 2, generando el camino $1 \rightarrow 2 \rightarrow 7$, ya que en la red inicial (Fig. 4) los nodos 2 y 7 están dentro del mismo rango de comunicación. Igualmente se debe verificar que el nuevo camino no sea más largo (en términos de distancia total) que el camino $1 \rightarrow 3 \rightarrow 6 \rightarrow 7$.



Fig. 7. Tiempo de convergencia del algoritmo.

4.5 Pruebas

Según un estudio publicado en [21], el tiempo necesario para que un AG converja a una solución única depende del tamaño de la población. Es evidente que cuanto mayor sea el número de individuos, se explorarán más zonas del espacio de soluciones; pero también es obvio que esto acarreará un costo computacional mayor. Por su parte, Goldberg y Deb publicaron un estudio en 1991 demostrando que el tiempo en el que un individuo se propaga a toda la población, utilizando métodos rápidos de selección, es $O(n \cdot \log n)$ siendo n el tamaño de la población; por lo que se debe buscar un compromiso entre el número de individuos utilizados, el método de selección utilizado y la calidad que se desea alcanzar.

En este sentido cobra importancia evaluar el tiempo de convergencia del Algoritmo Genético adaptado en este trabajo, respecto a la cantidad de nodos de la red, usando diferentes métodos de selección (torneo y ruleta).

El prototipo que ha sido desarrollado en el lenguaje de programación java, haciendo uso del paquete JGAP (*Java Genetic Algorithms Package*), que es un componente de algoritmos genéticos y programación genética provisto como una librería de java. JGAP, es un software libre distribuido bajo la licencia pública GNU y está disponible para descarga en <http://jgap.sourceforge.net/>.

Las pruebas se llevaron a cabo usando el IDE de Java Eclipse Indigo (Service Release 1) en un com-

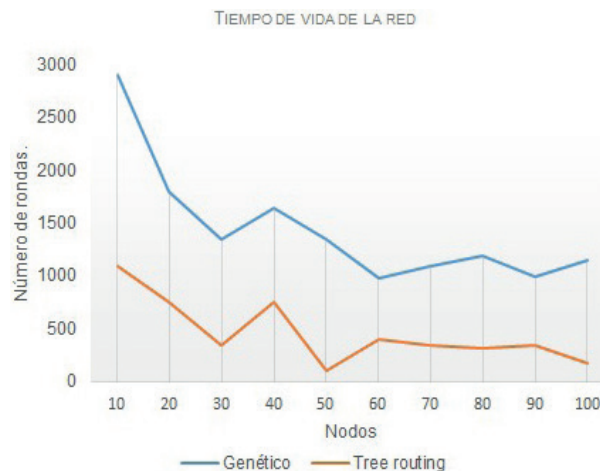


Fig. 8. Tiempo de vida de la red con la ejecución del algoritmo.

putador con procesador AMD E-450 de 1.65 GHz y RAM de 4GB, corriendo sobre la plataforma Windows 7 Ultimate de 64 bits.

Se consideró un escenario de red donde los nodos fuente están desplegados en un área de 2000 m. de diámetro y la estación base está en el centro de ellos. Se ejecutó 10 veces el algoritmo de selección de rutas expuesto en este documento, variando la cantidad de nodos desde 10 hasta 100. Por cada ejecución se probaron los dos métodos de selección: torneo y ruleta, con el fin de determinar cuál de los dos tiene un comportamiento favorable para el algoritmo de enrutamiento, en términos de tiempo de ejecución.

Los resultados de las mediciones se ilustran en la Fig. 7. A continuación se presenta una síntesis de las observaciones.

- Con la selección por torneo, el tiempo de ejecución del AG varía en proporciones mínimas a medida que varía la cantidad de nodos, comparado con la selección por ruleta en la cual el tiempo de ejecución del algoritmo sí se incrementa a medida que se aumentan los nodos en la red.
- Para cualquier cantidad de nodos en la red, el AG toma más tiempo en ejecutarse cuando se usa el método de la ruleta, que cuando se usa el de torneo.
- La selección de cromosomas en el método de la ruleta está sujeto a eventos probabilísticos,

lo cual podría introducir inexactitud en el resultado; además ralentiza la ejecución del algoritmo a medida que aumentan los nodos de la red, mientras que el método de selección por torneo realiza un proceso de comparación entre los individuos, demostrando ser eficiente computacionalmente para el contexto de aplicación de WSN trabajado en el presente artículo.

- Utilizando el método de selección por torneo, en el algoritmo descrito en este trabajo, se crearon árboles de enrutamiento variando la cantidad de nodos desde 10 hasta 100, para medir, por medio de simulación, el tiempo de vida de la red (número de rondas hasta que el primer nodo muera) en cada caso.
- Los resultados se compararon con el algoritmo especificado por ZigBee, Tree Routing, cuyo funcionamiento se puede consultar en [23]. En la Figura 8 están los valores comparados. El modelo de energía usado es el mismo definido en [13]; la ubicación de la estación base se asume en la coordenada (0,0).

5. TRABAJOS FUTUROS

Para generar una nueva versión del algoritmo, se han considerado los siguientes aspectos sobre los cuales se está trabajando en el momento:

- Inclusión del elitismo.
- Creación de una función de aptitud multi-objetivo.
- Diseño de una técnica para recalcular la topología de la red, de manera dinámica, una vez que exista al menos un nodo cuyas condiciones de trabajo se hayan deteriorado al límite.
- Teniendo en cuenta que la ejecución del AG es una tarea compleja a nivel computacional [19], y que la cantidad de nodos es relativamente alta al tratarse de extensiones (términos de hectáreas) de campos de cultivo, una vez implementada la nueva versión del AG, se identificará el proceso que toma mayor tiempo de ejecución y, a partir de este resultado, se diseñará una técnica para indexar el dígrafo inicial (Figura 4) con el fin de agilizar el recorrido del AG.

6. CONCLUSIONES

El trabajo realizado ha permitido conocer algunos retos que enfrentan los proyectos de agricultura de precisión, que han incluido una WSN en su solución. También ha logrado la primera etapa de una propuesta de enrutamiento basada en AG para una WSN, teniendo en cuenta características del contexto de la agricultura de precisión.

Así mismo se han identificado los alcances del Algoritmo Genético y su versatilidad para ser adaptado a diferentes contextos. Los resultados de las pruebas permiten identificar que para el AG adaptado, propuesto en este artículo, el método de selección por torneo tiene ventaja, computacionalmente hablando, en relación al método de la ruleta.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen al Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación de Colombia "Colciencias" y a la Universidad del Cauca, por el apoyo brindado a la Ing. Ángela María Rodríguez, a través del programa de Jóvenes Investigadores; Convocatoria 525-2011.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] S. K. Singh, M. P. Singh, and D. K. Singh, "Routing protocols in wireless sensor networks—A survey," *International Journal of Computer science and engineering Survey (IJCSSES)*, vol. 1, no. 2, pp. 63–83, 2010.
- [2] S. Hussain and O. Islam, "An energy efficient spanning tree based multi-hop routing in wireless sensor networks," in *Wireless Communications and Networking Conference, 2007. WCNC 2007. IEEE, 2007*, pp. 4383–4388.
- [3] M. L. Marote, "Agricultura de Precisión", *Ciencia y Tecnología 10*, ISEU, 2010.
- [4] S. Yoo, J. Kim, T. Kim, S. Ahn, J. Sung, and D. Kim, "A2S: Automated Agriculture System based on WSN," in *Consumer Electronics, 2007. ISCE 2007. IEEE International Symposium on, 2007*, pp. 1–5.
- [5] J. Panchard, S. Rao, T. V. Prabhakar, J.-P. Hubaux, and H. S. Jamadagni, "Commonsense net: A wireless sensor network for resource-poor

- agriculture in the semiarid areas of developing countries,” *Information Technologies and International Development*, vol. 4, no. 1, pp. 51–67, 2007.
- [6] Y. Wang, L. Huang, J. Wu, and H. Xu, “Wireless sensor networks for intensive irrigated agriculture,” in *Consumer Communications and Networking Conference, 2007. CCNC 2007. 4th IEEE*, 2007, pp. 197–201.
- [7] J. Hu, L. Shen, Y. Yang, and R. Lv, “Design and implementation of wireless sensor and actor network for precision agriculture,” in *Wireless Communications, Networking and Information Security (WCNIS), 2010 IEEE International Conference on*, 2010, pp. 571–575.
- [8] N. P. Karthickraja, V. Sumathy, and J. Ahamed, “A novel hybrid routing protocol for data aggregation in agricultural applications,” in *Communication Control and Computing Technologies (ICCCCT), 2010 IEEE International Conference on*, 2010, pp. 227–231.
- [9] F. Chiti, A. De Cristofaro, R. Fantacci, D. Tarchi, G. Collodo, G. Giorgetti, and A. Manes, “Energy efficient routing algorithms for application to agro-food wireless sensor networks,” in *Communications, 2005. ICC 2005. 2005 IEEE International Conference on*, 2005, vol. 5, pp. 3063–3067.
- [10] A. H. Kabashi and J. Elmighani, “A technical framework for designing wireless sensor networks for agricultural monitoring in developing regions,” in *Next Generation Mobile Applications, Services and Technologies, 2008. NG-MAST’08. The Second International Conference on*, 2008, pp. 395–401.
- [11] L. Karim, N. Nasser, and T. El Salti, “Efficient Zone-based Routing Protocol of Sensor Network in agriculture monitoring systems,” in *Communications and Information Technology (ICCIT), 2011 International Conference on*, 2011, pp. 167–170.
- [12] S. K. Gupta, P. Kuila, and P. K. Jana, “GAR: An Energy Efficient GA-Based Routing for Wireless Sensor Networks,” in *Distributed Computing and Internet Technology*, Springer, 2013, pp. 267–277.
- [13] A. Bari, S. Wazed, A. Jaekel, and S. Bandyopadhyay, “A genetic algorithm based approach for energy efficient routing in two-tiered sensor networks,” *Ad Hoc Networks*, vol. 7, no. 4, pp. 665–676, Jun. 2009.
- [14] F. Dressler and O. B. Akan, “A survey on bio-inspired networking,” *Computer Networks*, vol. 54, no. 6, pp. 881–900, Apr. 2010.
- [15] A. Chakraborty, S. Kumar, and M. Kanti, “A genetic Algorithm Inspired Routing Protocol for Wireless Sensor Networks,” *International Journal of Computational Intelligence Theory and Practice*, vol. 6 no. 1, 2011.
- [16] I. Apetroaei, I.-A. Oprea, B.-E. Proca, and L. Gheorghe, “Genetic algorithms applied in routing protocols for wireless sensor networks,” in *Roedunet International Conference (RoEdu-Net), 2011 10th*, 2011, pp. 1–6.
- [17] O. Islam, S. Hussain, and H. Zhang, “Genetic algorithm for data aggregation trees in wireless sensor networks,” Jodrey School of Computer Science Acadia University, Canada, Technical Report, TR-2007-001, 2007.
- [18] A. León Javier, “Diseño e implementación en hardware de un algoritmo bio-inspirado”, Tesis de maestría, Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación en Computación, México D.F., 2009.
- [19] J. I. Hidalgo and C. Cervigón Rückauer, “Una revisión de los algoritmos evolutivos y sus aplicaciones,” *Enlaces: revista del CES Felipe II*, no. 2, p. 5, 2004.
- [20] A. Das, and S. Das, “Power Conservation in Wireless Sensor Networks: A Graph-Theoretic Approach”, *45th Annual Conference on Information Sciences and Systems (CISS)*, pp.1-6, Marzo 2011.
- [21] J. I. Hidalgo, and C. Cervigón, “Una revisión de los algoritmos evolutivos y sus aplicaciones”, *Revista del CES Felipe II, Universidad Complutense de Madrid*, no 2, Diciembre 2004.
- [22] Chengxin Yan; Jing Hu; Lianfeng Shen; and Tiecheng Song, “RPLRE: A Routing Protocol Based on LQI and Residual Energy for Wireless Sensor Networks,” *Information Science and Engineering (ICISE), 2009 1st International Conference on*, vol., no., pp. 2714-2717, December 2009 doi: 10.1109/ICISE.2009.1041.
- [23] M. Al-Harbawi; M. F. A. Rasid; and N. K. Noordin, “Improved Tree Routing (ImpTR) Protocol for ZigBee Network”, *IJCSNS International Journal of Computer Science and Network Security*, vol. 9, no. 10, October 2009.