

# Comparación Experimental de Operadores de Cruzamiento para el Problema de Localización de Radio Bases en Redes Celulares

Everardo Gutiérrez López y Carlos A. Brizuela Rodríguez  
Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada  
Km 107 Carr. Tijuana-Ensenada, Ensenada, B.C., México  
{egutierr, cbrizuel}@cicese.mx, +52-646-1750500

## Resumen

En este artículo se presentan resultados preliminares de la comparación de operadores de cruzamiento para la representación entera en algoritmos genéticos aplicados al problema de Localización de Radio Bases. La motivación de esta comparación está basada en resultados recientes que indican la superioridad de una codificación entera sobre una binaria. Los resultados experimentales nos muestran una clara superioridad de un operador de cruzamiento en particular.

## 1. Introducción

El proceso de planificación de las redes celulares provee una amplia variedad de problemas combinatorios. Todos estos problemas poseen una gran importancia desde el punto de vista práctico, y muchos de ellos, son de una gran complejidad. Algunos de estos problemas son el Problema de Asignación de Frecuencias (FAP) [15], el Problema de Asignación de Células a Conmutadores (ACS) [13], el Problema de Localización de Radio Bases (BSL) [5, 6, 9, 11, 12], entre otros. Estos problemas son equivalentes a problemas tradicionales de optimización combinatoria (coloreo de grafos, “bin packing” y conjunto mínimo dominante, respectivamente). En este trabajo nos concentraremos en el problema de localización de radio bases.

El resto de este artículo está organizado de la siguiente forma: la Sección 2 establece el problema que se está tratando de resolver; la Sección 3 describe la metodología a utilizar; la Sección 4 describe los experimentos realizados, así como los resultados obtenidos; por último, la Sección 5 contiene las conclusiones e ideas para el trabajo futuro.

## 2. Problema

El problema BSL en redes celulares consiste en un conjunto de nodos de demanda  $\mathbf{DN}$  y un conjunto de posibles localizaciones de las radio bases  $\mathbf{B}$ . El problema es decidir en cuáles de los sitios posibles se colocarán radio bases tal que se cubra el mayor número de nodos de demanda, sujeto a algunas

restricciones relacionadas con la interferencia, cobertura, máximo número de radio bases a construir, entre otras. Un modelo para este problema es propuesto en [6] y uno de los requerimientos es:

(R2) Cada posible localización de las radio bases  $i \in \mathbf{B}$  tiene un máximo rango de alcance  $r_{max}(i)$ . El alcance real de la RB tiene que ser determinado y se denota como  $r(i) \leq r_{max}(i)$ . Los conjuntos  $\mathbf{N}_i$  de estos nodos de demanda que son servidos por  $i$  están dados por  $\mathbf{N}_i = \{j | \text{dist}(i, j) \leq r(i)\}$ .

Nosotros proponemos que el rango de una RB dada  $i \in \mathbf{B}$  está definida por una función  $f_i(d, \theta, h)$ , donde  $d$  es la distancia de la RB  $i$  a un punto en el espacio,  $\theta$  el ángulo con respecto a una línea de referencia dada, y  $h$  es la altura relativa entre la RB y el punto en el espacio. Con esta función podemos incluir todas las restricciones en problemas de la vida real. Si hacemos  $\theta$  y  $h$  constantes tenemos los mismos requerimientos que en (R2). Una vez definida esta función podemos representar el problema como un grafo  $\mathbf{G} = (\mathbf{DN}, \mathbf{E})$  donde  $\mathbf{DN}$ , el conjunto de vértices, representa los nodos de demanda y  $\mathbf{E}$ , el conjunto de aristas, representa el conjunto de nodos de demanda y su correspondiente RB. Esto es, la presencia de una arista  $(v, u) \in \mathbf{E}$  significa que ambos vértices  $(v, u)$  son nodos de demanda, y uno de ellos  $v/u$  es una localización posible de radio bases dando cobertura al nodo de demanda  $v/u$ , respectivamente.

En aplicaciones del mundo real se necesita conocer el número mínimo de radio bases necesarias para proveer una cobertura dada. Este problema es una variante del denominado problema del Conjunto Mínimo Dominante (MDS por sus siglas en inglés), ver [12]. Con el fin de establecer esa variante se define a continuación el problema del MDS.

**Definición 1. Problema del Conjunto Mínimo Dominante** [12]. Dado un grafo  $\mathbf{G} = (\mathbf{V}, \mathbf{E})$  donde  $\mathbf{V}$  es el conjunto de vértices y  $\mathbf{E}$  el conjunto de aristas, el subconjunto  $\mathbf{V}' \subseteq \mathbf{V}$  se denomina dominante si por cada vértice  $v \in \mathbf{V} - \mathbf{V}'$  existe una arista que conecta el vértice  $u \in \mathbf{V}'$  tal que  $(u, v) \in \mathbf{E}$ . El problema del MDS consiste en encontrar el  $\mathbf{V}'$  de mínima cardinalidad  $|\mathbf{V}'|$ .

Dado lo anterior, la variante puede ser establecida como sigue: dado un número  $q$ , encontrar el MDS de un subconjunto  $\mathbf{S} \subseteq \mathbf{V}$  tal que  $q = |\mathbf{S}|$ . Si la cardinalidad de  $\mathbf{V}$  es  $N$  entonces necesitamos resolver  $\binom{N}{q}$  problemas MDS en el peor caso [4].

El problema MDS pertenece a la clase NP-completa ([7], página 190). Además, resultados de no-aproximabilidad muestran que no puede ser aproximado a  $(1-\epsilon)ln|\mathbf{V}|$  para cualquier  $\epsilon > 0$  ([2], página 370). Este resultado implica que, en el peor caso, es difícil encontrar (inclusive) soluciones aproximadas al problema. Esto motiva el diseño de meta-heurísticas eficientes para casos específicos del problema.

### 3. Metodología

Los algoritmos de aproximación, en el concepto de Hochbaum [10] y Ausiello et al. [2], y las meta-heurísticas han sido los principales métodos utilizados para atacar este problema y sus variantes. El método que se propone aquí está basado en Algoritmos Genéticos y cae en la segunda categoría. Previamente han sido

propuestos Algoritmos Genéticos para resolver este problema por Calégari [5], Krishnamachari y Wicker [11], Meunier et al. [14], y Brizuela y Gutiérrez [4].

### 3.1. Codificación

Los trabajos previos basados en Algoritmos Genéticos [5, 11] proponen una representación binaria para cada solución. En esta representación, el locus indica el número de localización; un 1, en este locus, indica que esa localización está seleccionada, y un 0 que no. La longitud del cromosoma está dada por el número de posibles localizaciones. Meunier et al. [14] presenta un AG para resolver este problema y considera tres diferentes funciones objetivo: minimizar el número de sitios seleccionados, maximizar el caudal eficaz, y minimizar la interferencia con algunas restricciones adicionales. Ellos no especifican el tipo de codificación que utilizan.

En este trabajo se utiliza la representación entera [4], donde cada valor entero indica el número de la localización seleccionada. En esta representación, cada gen en el cromosoma indica el número de localización seleccionada, e.g. en el cromosoma  $\mathbf{C} = [1375]$  las localizaciones 1,3,5 y 7 están seleccionadas.

### 3.2. Algoritmo

Aquí se presenta el pseudo código para el algoritmo implementado [4].

1. **for**  $i = 1$  to  $Pop\_Size$
2.     **do** Generate\_Individual( $i$ )
3. **for**  $i = 1$  to  $Pop\_Size$
4.     **do** Evaluate Objective\_Function( $i$ )
5. **for**  $i = 1$  to  $Pop\_Size$
6.     **do** Select an Individual by RWS and save it in Temporal\_Population
7. Replace Population with Temporal\_Population
8. **for**  $i = 1$  to  $Num\_Of\_Iter$
9.     **do** Crossover with probability  $Pc$
10.     Apply Generational Replacement
11.     Apply Mutation with probability  $Pm$
12.     **for**  $j = 1$  to  $Pop\_Size$
13.         **do** Evaluate Objective\_Function( $j$ )
14.     **for**  $j = 1$  to  $Pop\_Size$
15.         **do** Select by RWS and save it in Temporal\_Population
16.     Replace Population with Temporal\_Population

En este algoritmo  $Pop\_size$  indica el tamaño de la población. Generate\_Individual( $i$ ) genera un individuo aleatoriamente. Evaluate Objective\_Function( $i$ ) calcula la aptitud de cada individuo  $i$ . Se implementaron dos funciones: minimizar  $f_A = k \frac{N}{R^\beta}$  [11] y maximizar  $f_B = \frac{R^\gamma}{N}$  [5]. Donde  $N$  es el número de localizaciones seleccionadas,  $R$  el porcentaje de cobertura (número de nodos cubiertos sobre el número de nodos de demanda),  $k, \beta, \gamma$  son constantes utilizadas para dar mayor o menor importancia a la minimización / maximización de  $N$  o  $R$ . El mecanismo de selección utilizado es el de la Ruleta. El número de iteraciones está dado por  $Num\_Of\_Iter$ . Las probabilidades de cruzamiento y mutación están dadas por  $Pc$  y  $Pm$ , respectivamente.

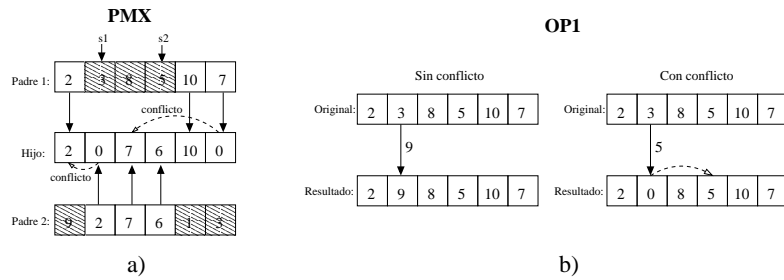


Figura 1: a) Operador de cruzamiento PMX. b) Operador de Mutación OP1

### 3.2.1. Cruzamiento

Todos los operadores de cruzamiento que se utilizaron son estándares en principio. La modificación ocurre cuando se intenta copiar un gen que ya ha sido copiado en el hijo. En este caso se copia un cero en el hijo [4].

**PMX.** *Partially-Mapped.* En este cruzamiento se seleccionan aleatoriamente dos posiciones. La Figura 1 a) ilustra el funcionamiento de este operador, los genes de los loci 1 al  $s_1 - 1$  del padre 1 son copiados a los loci 1 a  $s_1 - 1$  en el hijo. Loci  $s_1$  al  $s_2$  del padre 2 son copiados a los loci  $s_1$  al  $s_2$  en el hijo, y finalmente de los loci  $s_2 + 1$  al  $n$  del padre 1 son copiados a los loci  $s_2 + 1$  al  $n$  en el hijo. En cada caso, si se intenta copiar un gen que ya fue copiado, se copia un cero en su lugar. Esta situación genera un conflicto tal como se muestra en la Figura 1 a). Esta es una versión modificada del cruzamiento PMX ([8], página 5).

**PPX.** *Precedence-Preservative.* Un subconjunto de relaciones de precedencia de los padres son preservados en el hijo. Se genera una máscara binaria aleatoria, los unos indican que los genes del padre 1 son copiados al hijo, y los ceros indican que los genes del padre 2 son los que se copian, en el orden en que aparecen de izquierda a derecha. Ante un conflicto se aplica la misma solución que en PMX. Esta es una versión modificada del cruzamiento PPX presentado en [3].

**TPX.** *Two-Point.* Se preserva la posición de algunos genes correspondientes a los padres. Al igual que en PPX se genera una máscara binaria aleatoria, los unos indican que el locus seleccionado se copia del padre 1, y los ceros indican que el locus se copia del padre 2. De nueva cuenta si se presenta un conflicto se resuelve tal como en PMX. Esta es una versión modificada del cruzamiento estándar de dos puntos cuya descripción puede encontrarse en ([8], página 408).

**OP.** *One-Point.* En este cruzamiento se selecciona aleatoriamente un punto de cruce. Los genes a partir de ese punto son intercambiados entre el padre 1 y el padre 2, generando dos nuevos individuos (hijo 1 e hijo 2). También en este cruzamiento se aplica la resolución de conflictos como en PMX. Esta es una versión modificada del cruzamiento de un punto usado en [5].

### 3.2.2. Mutación

Se utilizó el operador de mutación propuesto en [4], el cual se describe a continuación.

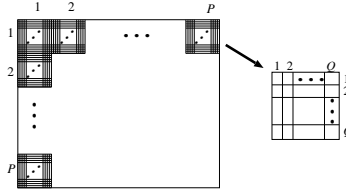


Figura 2: Estructura de la rejilla y celda para el problema artificial.  $M \times M$  rejillas agrupadas en  $P \times P$  celdas de  $Q \times Q$  rejillas

Cuadro 1: Tres casos para el problema artificial

Caso	Área ( $M \times M$ )	Tamaño de Celda ( $Q \times Q$ )	Número Óptimo de Celdas
I1	287 x 287	41 x 41	49
I2	217 x 217	31 x 31	49
I3	147 x 147	21 x 21	49

**OP1.** El locus a mutar es seleccionado aleatoriamente, entonces el gen es reemplazado por un entero generado aleatoriamente en el rango de 1 to  $n$ . Si el nuevo valor ya existe en el cromosoma, el gen es reemplazado por un cero. La Figura 1 b) ilustra el funcionamiento de este operador.

## 4. Experimentos y Resultados

Se estudiaron dos casos, cuyos datos fueron generados de diferente forma. La primera basada en el trabajo de Calégari [5] y la segunda en el trabajo de Krishnamachari y Wicker [11]. A continuación se explican las dos formas de generación de datos.

### 4.1. Generación del modelo A

Este modelo artificial considera  $L$  posibles localizaciones distribuidas en una rejilla de  $M \times M$ . El modelo está dividido en  $P \times P$  sub-rejillas, cada una de tamaño  $Q \times Q$ , esta estructura se muestra en la Figura 2. Las primeras  $P^2$  posibles localizaciones posibles son ubicadas en el centro de cada celda de tal forma que estas localizaciones dan una cobertura del 100%, representando la solución óptima. Otras  $L - P^2$  localizaciones posibles son generadas de manera aleatoria y uniforme sobre toda la  $M \times M$  estructura de rejilla. Se generaron tres diferentes casos del problema cuyos parámetros se muestran en el Cuadro 1.

Se realizaron dos experimentos diferentes sobre estos casos. Para el primer experimento la longitud del cromosoma se fijó a 49, siendo éste el número óptimo de radio bases necesarias. En el segundo experimento se consideró una longitud de cromosoma igual al número de localizaciones posibles. Se estudiaron los cuatro operadores de cruzamiento descritos anteriormente. Se calculó el promedio de la función objetivo, el promedio de la cobertura, y el promedio del número de localizaciones seleccionadas sobre el total de corridas. Se repitió esto

Cuadro 2: Valores promedio de la función objetivo para el caso II (maximización).  $P_c = 0.6$ ,  $P_m = 0.6$ ,  $Num\_Of\_Iter = 1000$ ,  $Num\_runs = 50$ ,  $Pop\_Size = 30$ , y  $\gamma = 4$

Longitud de Cromosoma	Tipo de Cruzamiento	Valor Promedio de la Función Objetivo ( $\bar{f}_B$ )	Desviación Estándar (%)
$K$	<b>ppx</b>	<b>0.0204033</b>	0.16
	tp	0.0204001	0.27
	pmx	0.0202978	1.19
	op	0.0194640	3.13
$K_N$	ppx	0.0164076	4.23
	tp	0.0167186	3.70
	pmx	0.0176148	4.86
	<b>op</b>	<b>0.0184367</b>	4.53

Cuadro 3: Cobertura (maximizar) y número promedio de radio bases (minimizar) para el caso II.  $P_c = 0.6$ ,  $P_m = 0.6$ ,  $Num\_Of\_Iter = 1000$ ,  $Num\_runs = 50$ ,  $Pop\_Size = 30$ , y  $\gamma = 4$

Longitud de Cromosoma	Tipo de Cruzamiento	% de Cobertura Promedio ( $\bar{R}$ )	Número Promedio de Radio Bases ( $\bar{N}$ )
$K$	<b>ppx</b>	<b>99.99</b>	<b>49.0</b>
	<b>tp</b>	<b>99.99</b>	<b>49.0</b>
	pmx	99.86	49.0
	op	98.49	48.4
$K_N$	ppx	98.20	56.8
	tp	98.35	56.0
	pmx	98.29	53.1
	<b>op</b>	<b>98.73</b>	<b>51.6</b>

para cada experimento. Los valores de los parámetros se establecieron de acuerdo con Calégari [5].

El Cuadro 2 muestra el promedio de la función objetivo para ambos experimentos.  $K$  indica una longitud de cromosoma de 49, y  $K_N$  un cromosoma de longitud igual al número de localizaciones posibles, 149 en este caso. Podemos ver que para  $K$  el operador OP obtiene el peor rendimiento y PPX el mejor. Para  $K_N$  el mejor valor objetivo promedio es obtenido por OP, y en desviación estándar solo es superado por TP y PPX. En el Cuadro 3 vemos que PPX y TP obtienen en promedio una cobertura del 99.99% utilizando 49 radio bases en promedio, siendo estos los mejores operadores para  $K$ . Para  $K_N$  OP obtiene los mejores resultados con una cobertura promedio de 98.73% utilizando 51.6 radio bases en promedio.

Es notable que para los cuatro operadores el rendimiento del algoritmo empeora al pasar de  $K$  a  $K_N$  en términos de la función objetivo. Esto puede atribuirse a una mayor diversidad en la población para  $K_N$  (cromosoma más largo) y al número de iteraciones necesarias para alcanzar la convergencia. Sin embargo es claro que los tres primeros operadores (PPX, TP y PMX) son más susceptibles al parámetro de longitud del cromosoma, lo que afecta en gran

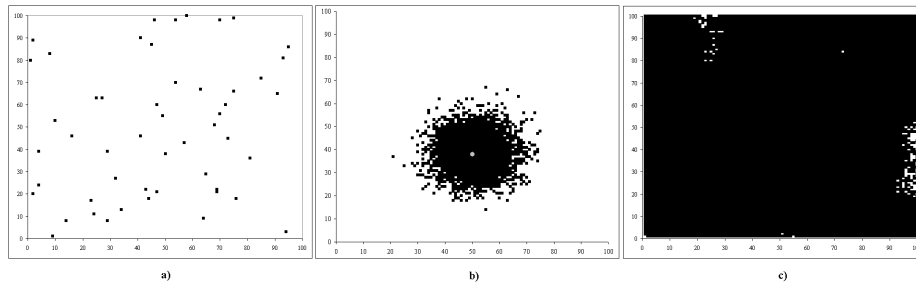


Figura 3: Localizaciones Posibles de las Radio Bases y Cobertura. a) Generación aleatoria de 51 RB. b) Cobertura de una sola RB. c) Cobertura cuando las 51 localizaciones están seleccionadas (tomada como el 100 % de cobertura)

medida su desempeño. El operador OP resulta ser el menos afectado al disminuir su desempeño en mucha menor proporción que los demás operadores, pasando de ser el de peor desempeño para  $K$  a ser el mejor para  $K_N$ .

## 4.2. Generación del modelo B

Esta forma de generar casos fue propuesta por Krishnamachari y Wicker [11]. En esta, el área cubierta está determinada por un modelo denominado “*Shadow Fading Model*”. Aquí, la pérdida de potencia en dB a una distancia  $d$  de la radio base está dada por la ecuación  $P_{loss} = A + B \log(d) + G$  [11], donde  $G$  es una variable aleatoria gaussiana con media cero y varianza  $\sigma^2$ ,  $A$  y  $B$  son constantes. Como en [11]  $A = 50$ ,  $B = 40$ , y  $\sigma^2 = 10$ . La  $P_{loss}$  es calculada para cada radio base y cada punto en la rejilla, si  $P_{loss} < 100$  dB en un nodo dado entonces el nodo es cubierto por la radio base  $i$ . Nótese que los nodos de demanda abarcan el espacio entero de la rejilla. Se supone esto sin pérdida de generalidad, ya que el conjunto específico de nodos de demanda puede ser incluido en cualquier momento.

En este caso el número de localizaciones posibles es generado aleatoriamente sobre la rejilla entera de tamaño  $M \times M$ . La Figura 3 a) muestra las 51 localizaciones posibles generadas aleatoriamente, la Figura 3 b) muestra el área cubierta por una de las 51 localizaciones (el nodo gris al centro), y la Figura 3 c) muestra el área cubierta cuando las 51 localizaciones están seleccionadas. En los experimentos consideramos estos nodos cubiertos como el 100 % de cobertura.

La Figura 4 presenta los valores promedio de la función objetivo sobre 50 corridas, para diferentes tamaños de población, y diferentes operadores de cruzamiento. Los valores de los parámetros se muestran al pie de la figura. En este caso podemos notar una clara superioridad del operador de cruzamiento OP sobre los otros, en términos de la optimalidad de la función objetivo (problema de minimización). La Figura 5 a) muestra la cobertura promedio, aquí, OP obtiene el mejor resultado para una población de 30 y es superado solo por TP para poblaciones de 10 y 30 individuos (maximización). En la Figura 5 b) se muestra el promedio del número de RB seleccionadas, en este caso, OP obtiene los mejores resultados siendo superado solo por PMX para una población de 10 (minimización).

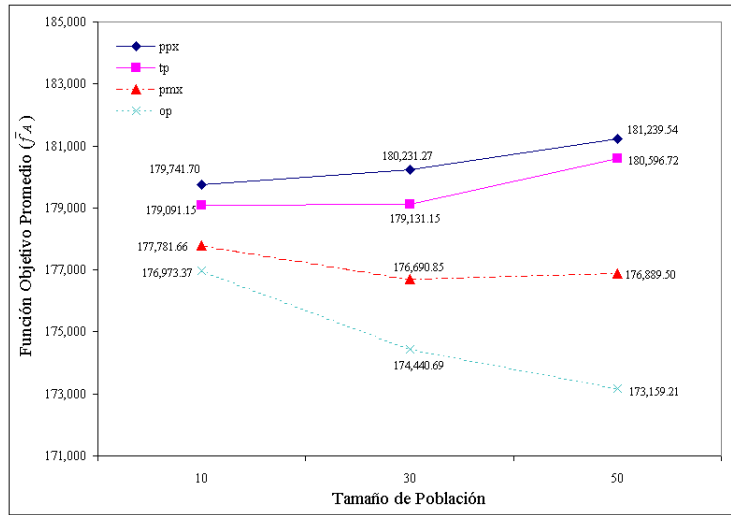


Figura 4: Valores promedio de la función objetivo (minimizar).  $P_c = 0.7$ ,  $P_m = 0.5$ ,  $Num\_Of\_Iter = 1000$ ,  $Num\_Of\_runs = 50$ ,  $\beta = 3$ ,  $k = 10000$

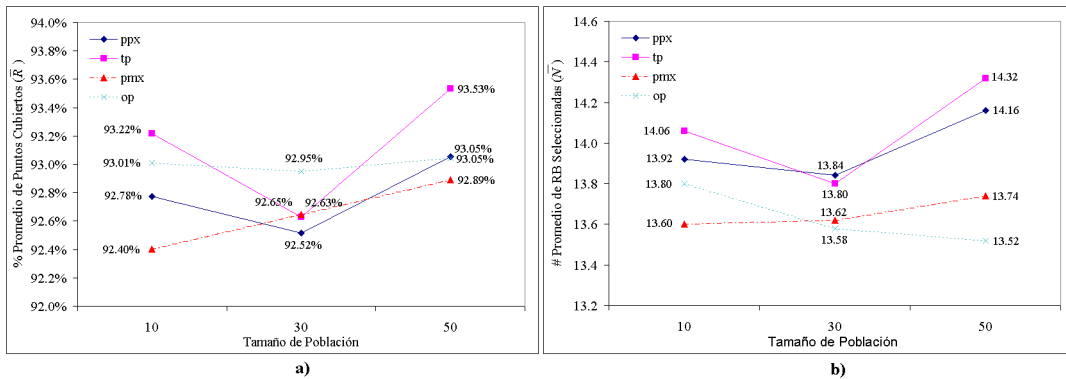


Figura 5: Número promedio de radio bases, y cobertura para diferentes tamaños de población. a) Cobertura Promedio y b) Número Promedio de RB.  $P_c = 0.7$ ,  $P_m = 0.5$ ,  $Num\_Of\_Iter = 1000$ ,  $Num\_Of\_runs = 50$ ,  $\beta = 3$ ,  $k = 10000$

La Figura 6 muestra una solución sub-óptima de 13 radio bases y una cobertura de 92.33% obtenida con el operador OP. En el Cuadro 4 se muestra la iteración promedio en la cual se obtuvo el mejor resultado de las corridas del algoritmo. En este cuadro podemos apreciar que OP tiene también un buen promedio de iteraciones a la mejor solución.

## 5. Conclusiones

En este trabajo se realizó un estudio comparativo de cuatro operadores de cruzamiento para la representación entera del problema de localización de las radio bases propuesta en [4]. En esta representación el máximo número

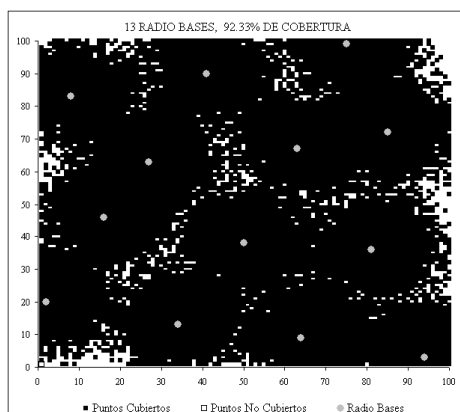


Figura 6: Solución sub-óptima con 13 radio bases. Cobertura de 92.33%. Cruzamiento OP.  $P_c = 0.7$ ,  $P_m = 0.5$ ,  $Num\_Of\_Iter = 1000$ ,  $Num\_Of\_runs = 50$ ,  $\beta = 3$ ,  $k = 1000$

Cuadro 4: Iteración promedio.  $P_c = 0.7$ ,  $P_m = 0.5$ ,  $Num\_Of\_Iter = 1000$ ,  $Num\_Of\_runs = 50$ ,  $\beta = 3$ ,  $k = 10000$

Tipo de Cruzamiento	Tamaño de Población		
	10	30	50
ppx	729.5	735.7	730.4
tp	719.1	694.2	699.5
pmx	748.7	708.2	733.5
op	679.3	672.0	715.3

deseado de radio bases puede ser especificado directamente con la longitud del cromosoma, esto, como ayuda para ajustar el máximo número de radio bases a ser utilizadas. Para esta representación el operador de cruzamiento OP obtiene en general el mejor desempeño, sobre un conjunto específico de casos.

Los operadores son comparados sobre dos conjuntos diferentes de casos: un conjunto simple de casos de los cuales se conoce el número óptimo de radio bases; y un segundo conjunto, más difícil, en el cual no se conoce el número óptimo de radio bases. El operador OP mejora a los demás operadores excepto para el caso del primer conjunto de casos donde se ajusta el máximo número de radio bases al óptimo (el cual se conoce para este conjunto de casos). Tomando en cuenta que en la vida real no conocemos el número óptimo de radio bases, y en cuyo caso OP obtuvo los mejores resultados, podemos concluir que el operador de cruzamiento OP es el más adecuado para la representación entera de este problema, considerando los dos conjuntos de casos descritos en este trabajo.

Dos principales líneas futuras de investigación están en nuestro interés. La primera está relacionada con el estudio de la manera en que la generación de vecindarios explota la estructura combinatoria del problema para obtener mejores resultados. La segunda está relacionada con el análisis del desempeño del caso promedio del algoritmo de aproximación propuesto por Glaßer [9] y su comparación con el procedimiento propuesto por nosotros.

## Referencias

- [1] N. Ansari, E. Hou: Computational Intelligence for Optimization. Kluwer Academic Publishers. Boston, 1997.
- [2] G. Ausiello, P. Crescenzi, G. Gambosi, V. Kann, A. Marchetti-Spaccamela, M. Protasi: Complexity and Approximation - Combinatorial Optimization Problems and Their Approximability. Springer-Verlag. Berlin Heidelberg New York, 1999.
- [3] C. Bierwirth, D. C. Mattfeld, H. Kopfer: "On Permutation Representations for Scheduling Problems". In Proceedings of Parallel Problem Solving from Nature. Lecture Notes in Computer Science, Vol. 1141. Springer-Verlag. Berlin Heidelberg New York, 1996. 310-318.
- [4] C. A. Brizuela, E. Gutiérrez: "An Experimental Comparison of Two Different Encoding Schemes for the Location of Base Stations in Cellular Networks". In Proceedings of EvoCOP 2003. Lecture Notes in Computer Science. Springer-Verlag. Berlin Heidelberg New York, 2003.
- [5] P. R. Calégari: Parallelization of population-based evolutionary algorithms for combinatorial optimization problems. Tesis Doctoral, número 2046. Swiss Federal Institute of Technology (EPFL), Lausanne. Suiza, 1999.
- [6] M. Galota, C. Glaßer, S. Reith, H. Vollmer: A Polynomial-Time Approximation Scheme for Base Station Positioning in UMTS Networks. Reporte Técnico, Universidad de Wurzburg, 2000.
- [7] M. R. Garey, D. S. Johnson: Computers and Intractability: A Guide to the Theory of NP-completeness. W. H. Freeman. New York, 1979.
- [8] M. Gen, R. Cheng: Genetic Algorithms and Engineering Optimization. John Wiley & Sons. New York, 2000.
- [9] C. Glaßer, S. Reith, H. Vollmer: "The Complexity of Base Station Positioning in Cellular Networks". ICALP Workshops 2000. Proceedings in Informatics, Vol. 8, 2000. 167-177.
- [10] D. Hochbaum (ed.): Approximation Algorithms for NP-Hard Problems. PWS Publishing Company. Boston, 1997.
- [11] B. Krishnamachari, S. B. Wicker: "Experimental analysis of local search algorithms for optimal base station location". In Proceedings of International Conference on Evolutionary Computing for Computer, Communication, Control and Power. Chennai, India, 2000.
- [12] R. Mathar, T. Niessen: "Optimum positioning of base stations for cellular radio networks". Wireless Networks, Vol. 6. J. C. Baltzer AG, Science Publishers. New York, 2000. 421-428.
- [13] A. Merchant, B. Sengupta: "Assignment of Cells to Switches in PCS Networks". IEEE/ACM Transactions on Networking, Vol. 3 No. 5. IEEE Press. 1995. 521-526.
- [14] H. Meunier, E. Talbi, P. Reininger: "A Multiobjective Genetic Algorithm for Radio Network Optimization". In Proceedings of the 2000 Congress on Evolutionary Computation CEC00. 2000. 317-324.
- [15] R. A. Murphey, P. Pardalos, M. G. C. Resende: Frequency Assignment Problem. In Du, D.-Z., Pardalos, P. M. (eds.). Handbook of Combinatorial Optimization. Kluwer Academic Publishers, 1999. 295-377.