

셀 구성을 위한 그룹유전자 알고리즘의 변형들에 대한 연구

A study on the variations of a grouping genetic algorithm for cell formation

이종윤, 박양병

경희대학교 테크노공과대학 산업공학과, jonathan002@hotmail.com

Abstract

Group technology(GT) is a manufacturing philosophy which identifies and exploits the similarity of parts and processes in design and manufacturing. A specific application of GT is cellular manufacturing. the first step in the preliminary stage of cellular manufacturing system design is cell formation, generally known as a machine-part cell formation(MPCF). This paper presents and tests a grouping genetic algorithm(GGA) for solving the MPCF problem and uses the measurements of efficacy. GGA's replacement heuristic used similarity coefficients is presented.

1. 서론

그룹테크놀러지는 유사한 공정을 필요로 하는 제품이나 부품들을 하나의 부품군(Part family)으로 묶고, 이를 생산하는 기계들을 기계군으로 묶어 제조셀을 구성하여 부품의 이동시간과 대기시간, 기계의 작업시간과 공정중인 부품의 전체 개수 등의 감소를 통해 부품을 제조하는데 드는 전체시간과 비용을 획기적으로 줄여주는 기법이다.

그룹테크놀러지를 실시하기 위해서는 부품이 필요로 하는 작업과 요인들을 기초로 부품군을 만들고, 주어진 부품의 작업을 담당하는 기계의 작업 능력을 기초로 하여 기계군을 만들어 최적의 셀을 구성하는 것이 중요하다. 이러한 기계-부품셀구성(MPCF)문제는 이전 연구에서 기계-부품군행렬(MPIM)에서 Block-diagonalization을 이루는 것이 매우 중요하다고 언급되었다. MPCF문제의 최적해의 특징은 diagonal block을 형성하며 voids(block내'0') 적으며 셀간 이동수(exceptions)를 나타내는 diagonal block외부의 '1'의 합이 최소라는 것이다. MPCF문제는 NP-complete문제로서 발견적 해 탐색기법을 연구하는데 매우 적절하다.

유전자 알고리즘은 생물의 진화과정에서의 자연선택과 유전법칙을 기초로 한 확률적 탐색기법으로서 1975년 홀랜드가 처음 소개한 이후 활발한 연구가 이루어져왔다. 유전자 알고리즘은 주어진 문제에 대한 복수개의 잠재해들로 구성된 해집단을 가지고 교차와 돌연변이, 선택과정을 여러 세대 진행시키면서 해공간을 탐색하는 기법이다.

Falkenauer(1998)는 유전자 알고리즘의 염색체표

현은 MPCF문제를 푸는데 있어 MPCF문제가 가지는 특성을 반영하지 못한다는 중요한 결점을 지적하였다. 예를 들어 MPCF문제에서 염색체 ABCB와 BCAC는 모두 동일한 해를 가지게 된다. 이러한 염색체표현을 통한 해의 중복성은 유전자알고리즘이 해 공간을 크게 증가시키고 성능에 방해가 된다. 이에 대해 Falkenauer에 의해서 개발되어진 그룹유전자 알고리즘은 셀 구성문제를 포함한 군집화문제의 특성에 적합하도록 보완된 것으로, 특히 유전자의 표현 및 교차연산에서 우수한 유전형질들이 다음 세대로 전달될 수 있도록 하고 있다. Falkenauer의 실험에 의하면, 군집화문제에서 유전자알고리즘의 염색체표현보다 그룹유전자알고리즘의 염색체표현이 알고리즘 성능 면에서 우수한 것으로 나타났으며 특히 적은 크기의 모집단으로 여러 개의 좋은 해(즉, 목적함수 값이 같은 개체라 할지라도 각 개체에서 유전자를 구성하는 객체가 다른 해)를 찾을 수 있다고 보고하였다. 그룹유전자알고리즘을 적용한 연구는 DeLit와 2인(2000)과 Brown과 Sumichrast(2001) 등이 있다.

본 연구에서는 이전의 GGA연구에서는 교차과정상에서 발생하는 적합하지 않은 해들을 랜덤방법 또는 MPIM의 작업받는 기계 또는 부품을 찾아 단순하게 대체되었던 과정을 동일한 기계를 사용하는 부품들간의 유사성과 동일한 기계를 사용하는 부품들간의 유사성을 측정하여 이를 선별하여 유사성이 높은 부품' 또는 기계와 같은 그룹으로 대체과정상에서 사용하였다.

2. 문헌적 고찰

그룹테크놀러지는 Burbidge(1971, 1975)와 구소련의 Miltrofanov(1966)가 소개되어진 것으로 지금까지도 많은 연구가 이루어지고 있다. 그룹테크놀러지에서 다루는 MPCF문제는 유사한 작업을 요하는 부품들을 군으로 만들고 각 부품군이 요하는 작업을 수행할 수 있는 기계들을 군으로 만드는 것이다. 제조셀을 효과적으로 운영하기 위해서 셀 내의 모든 기계들은 최대한 이용되어야 하고 셀 간 이동수는 최소한으로 낮추어야 한다. MPIM은 문제의 해를 평가하는데도 효과적으로 이용된다. 기계와 부품에 대한 정보는 0과 1로 구성된 $m \times n$ 행렬, 여기서 $a_{ij}=1$ 은 부품 j 가 기계 i 를 방문하여 작업을 받는 것이고, $a_{ij}=0$ 은 부품 j 는 기계 i 의 작업을 받지 않는다. MPCF문제에 대해서는 많은 연구가 이루어졌다. 초기에 Array-based methods는 King과 Nakornchai(1982), Chan과 Milner(1986), Kusiak과

Chow(1987)등에 의해서 발전되어 왔고, Clustering과 Similarity coefficients는 McAuley(1972)와 Carrie(1973), Chandrasekharan과 Rajagopalan(1986, 1987)에 의해서 발전되었다. 그들의 ZODIAC알고리즘(1987)은 Non-hierarchical cluster analysis를 통하여 GT문제를 풀었으며 Kusiak(1987)은 MPCF문제에 대해 P-median모형을 제안하였다. Rajagopalan과 Batra(1975)은 그래프이론을 처음으로 MPCF문제에 적용하였다. MPCF문제에서 독립된 제조셀들의 최적 구성은 생산을 효율적으로 할 수 있도록 결정하는데 중요한 이슈이다. Sfinivasan (1994)는 Minimum spring tree을 이용하여 독립된 제조셀들의 최적 구성을 위한 MPCF문제를 풀었으며 Efficacy를 해의 효율성을 평가하는데 사용하였다. Vakharia와 Chang(1997)은 조합탐색기법을 제안하였다. MPCF문제에 대한 발견적기법들의 활발한 연구는 MPCF문제가 NP-complete문제이기 때문이다(Ballakur and Steudel 1987).

3. 그룹유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 진화과정의 자연선택에서 착안하여 만들어진 최적해에 대한 확률적 탐색기법이다. 이것은 문제들에 대한 잠재해들의 모집단을 구성하여 이 모집단이 세대마다 진화하면서 더 좋은 해를 확률적으로 탐색해간다. 모집단에 있는 스트링들에 대한 교차와 돌연변이과정을 통해서 자연현상과 동일하게 좋은 해의 부분들을 다음세대로 전달한다.

Falkenauer는 유전자알고리즘의 결점을 중요한 결점을 지적하고 이를 보완하여 군집화 문제에 적합하도록 그룹유전자 알고리즘을 개발하였다. 그룹유전자알고리즘은 크게 2가지가 다르다. 첫 번째, 군집화 문제에 적합하도록 그룹들을 기초로 유전자가 표현되었고 연산과정에서도 그룹들로 구성된 염색체 부분이 교차 및 돌연변이, 역순연산과정에서 사용된다. 두 번째, 교차와 돌연변이가 유전알고리즘과 동일한 기능을 하지 않는다.

3.1 염색체표현

그룹유전자 알고리즘에서 염색체표현은 3부분으로 나누어진다. 부품부분, 기계부분, 그룹부분이 하나의 염색체으로 구성된다. GGA의 염색체구성은 다음과 같다.

$$(c_1c_2c_3\dots c_P | m_1m_2m_3\dots m_M | g_1g_2g_3\dots g_G)$$

c_i = 부품 i 가 할당된 그룹, $i=1$ to P , $1 \leq c_i \leq G$,

m_j = 기계 j 가 할당된 그룹, $j=1$ to M , $1 \leq m_j \leq G$,

g_k = 현재 그룹, $k=1$ to G ,

$$G = \max \{m_1m_2m_3m_4\dots m_M\}$$

P = 부품 수

M = 기계 수

G = 그룹 수, $G \leq \min(M,P)$

염색체에서 부품부분과 기계부분은 모든 염색체가 동일한 개수의 유전자를 가지게 되지만 그룹부분은 그룹의 숫자에 따라서 염색체의 길이가 다양하다. 위의 염색체를 잘 이해하기 위해 8개 부품과 5대 기계의 기계가 3개의 그룹에 속한 스트링을 표현하면 21322133 | 23123 | 132 이다. 2번, 6번 부품과 3번 기계가 1번 그룹에 속한다.

3.2 유전연산자

유전자알고리즘에서 교차가 되는 부모 염색체들의 일부가 다음세대로 전달되어 자식세대의 염색체를 형성하게 된다. GGA에서는 그룹의 유전정보가 다음세대로 전달될 수 있도록 그룹교차가 이루어진다.

단계 1. 두 부모유전자에 대해서 이점교차와 같이 임의의 절단점을 선택한다.

단계 2. 부모 2의 첫 번째 절단점에 부모 1의 첫 번째 절단점과 두 번째 절단점 사이의 인자를 삽입한다.

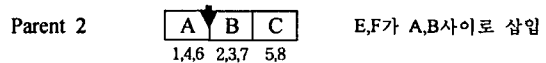
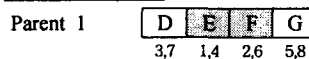
단계 3. 부모 1의 새로운 인자를 삽입함으로써 부모 2에서 중복되는 인자를 삭제한다.

단계 4. 삭제되는 개체가 있는 그룹들에 남아있는 개체들을 대상으로 하여 새로운 인자를 생성한다. 이때 문제가 갖는 특성을 이용한 발견적 기법을 사용할 수 있다.

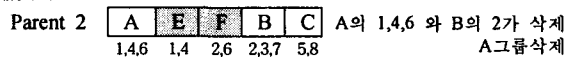
단계 5. 두 부모의 역할을 바꾸어 단계 2부터 4를 반복함으로써 다른 하나의 자손을 생성한다.

이러한 교차를 진행한 후 삭제된 유전자에 대한 기계 및 부품유전자들을 확인하여 보완하는 단계가 필요하다. 이러한 부품들이나 기계들을 대체시켜 해를 보완하는 적절한 과정을 수행하는 것이 그룹유전자알고리즘에서는 중요한 단계이다. (임의의 절단점은 ↓로 나타내었다.)

교차지점의 선택



그룹 삽입



교차 후 염색체

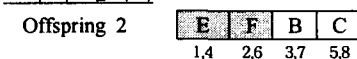


그림1. 그룹유전자알고리즘 교차 위의 교차연산은 Parent 1에도 동일하게 절단점이 주어지고 Parent 2의 유전자가 삽입되어진다. 교차과정에서는 만약 부품이나 기계가 삭제되어 그룹으로 들어가지 못하는 경우, 그룹을 재할당해주는 과정이 반드시 필요하다. 또한 이러한 과정은 GGA의 과정에서 매우 중요한 역할을 한다.

3.3 돌연변이

GGA에서의 돌연변이는 유전자단위보다는 그룹단위로 이루어져야한다. Falkenauer(1998)는 3가지 방법을 제안하였다. 첫 번째, 새로운 그룹을 만든다. 두 번째, 현재의 그룹을 삭제한다. 세 번째, 그룹 중 임의로 몇 개의 그룹들을 선택하여 뒤섞는다.

3.4 역순 연산과정

역순연산과정은 연속된 부분유전자들의 순서를 바꾸어주는 것으로 좋은 형질의 유전자들을 가깝게 위치하도록 하여 다음세대로 전달될 확률을 높여주

는 것이다. 이러한 역순 연산은 염색체에서 그룹을 나타내는 부분에서 이루어진다. 역순 연산과정을 설명하면 다음과 같다.

유전자 BECDA에서 C와 B를 교체하여 CEBDA로 바꾸어주는 것이다. 유전자에서 B와 D는 좋은 형질의 유전자일 경우 다음세대로 전달될 확률이 높아진다. 역순연산은 그룹부분에서 이루어진다.

4. 그룹유전자알고리즘의 변형

4.1 그룹유전자알고리즘의 적용

본 연구에서 연구하는 GGA의 변형은 GGA에서 중요하게 다루어지는 과정 중 하나인 교차과정에서의 재할당 대체과정(Replacement heuristic)이다. MPCF문제에서 각 개체들간의 유사성을 어떻게 표현하고 평가하는가는 중요한 문제 중 하나이다.

GGA변형은 초기해 구성과 선별, 역순연산과정을 이전 연구와 동일하게 진행하였다. 역순연산 과정은 임의의 두 점을 선택하여 두 개체를 교환하는 방법을 사용하였다. GGA의 초기해 구성은 랜덤하게 구성하였으며 각 그룹에 최소 1개 이상의 기계와 부품이 속하도록 생성되었다.

4.2 Brown and Sumichrast's Replacement Heuristic

Brown and Sumichrast는 재할당을 위해서 문제에 주어진 MPIM을 근거로하여 재할당을 해야하는 부품의 작업을 하는 기계가 속한 그룹으로 부품을 할당하고 기계의 경우 기계가 작업하는 부품의 그룹으로 할당을 하는 대체방법을 이용하였다.

재할당 휴리스틱의 절차

- 단계 1. 재할당과정이 필요한 부품들과 기계들로 목록을 임의로 만든다.
- 단계 2. 부품과 기계 중 어느 한 개체를 목록의 상단에 위치할 것인가를 결정한다.(부품은 단계3으로, 기계는 단계6으로 간다.)
- 단계 3. 할당할 부품 j에 대해 주어진 기계부품군행렬에서 부품 j열을 검사하고 그 열의 i행에서 1의 값을 가지는 행을 추출한다.
- 단계 4. 교차과정이 끝난 후 현재 그룹을 조사하고(이 과정에 의해 이미 끝나 재할당된 것도 포함) 그 그룹 중 단계 3에 있는 기계를 그룹을 담고 있는가 결정한다.
- 단계 5. 부품 j를 그 그룹에 할당한다.(그룹이 복수인 경우 임의로 결정)
- 단계 6. 만약 부품이나 기계가 아직 있을 경우 단계 2로 돌아간다. 그렇지 않으면, 중지.
- 단계 7. 할당할 기계 i에 대해 주어진 기계부품군행렬에서 기계 i행을 검사하고 그 행의 j열에서 1의 값을 가지는 열을 추출한다.
- 단계 8. 교차과정이 끝난 후 현재 그룹을 조사하고(이 과정에 의해 이미 끝나 재할당된 것도 포함) 그 그룹 중 단계 7에 있는 부품을 그룹을 담고 있는가 결정한다.
- 단계 9. 기계 i를 그 그룹에 할당한다. (그룹이 복수인 경우 임의로 결정)
- 단계 10. 만약 부품이나 기계가 아직 있을 경우 단계 2로 돌아간다. 그렇지 않으면, 중지.

4.3 Similarity Replacement Heuristic

본 연구에서 사용하는 유사성계수를 이용한 재할당 대체과정은 개체들의 유사성에 기초하여 재할당과정을 진행한다. 유사성계수는 프로그램 실행초기에 각 부품간, 기계간의 유사성계수를 추출하여 각 부품과 기계에 대한 다른 부품 또는 기계에 대한 유사성계수 순위목록을 작성한다. 이 목록은 교차과정에서 삭제되어 재할당 대체과정이 요구되는 기계나 부품에 대해서 그룹을 재할당하는데 사용된다.

다. 기계간의 유사성계수와 부품간의 유사성계수를 구하는 것은 다음의 식으로 표현된다.

$$SM_{ij} = \frac{M_{ij}}{M_i + M_j - M_{ij}}, SP_{ij} = \frac{P_{ij}}{P_i + P_j - P_{ij}}$$

여기서,

- SM_{ij} =기계 i와 j의 유사성계수
- M_i = 부품 i가 작업받는 기계수
- M_j = 부품 j가 작업받는 기계수
- SM_{ij} =기계 i와 j의 유사성계수
- P_i = 부품 i가 작업받는 기계수
- P_j = 부품 j가 작업받는 기계수

유사성계수를 이용한 재할당 휴리스틱의 절차

- 단계 1. 삭제되어 재할당이 요구되는 부품의 목록을 각각 작성한다.
- 단계 2. 목록에서 첫 번째에 위치한 부품번호를 확인한다.
- 단계 3. 확인된 부품과 다른 부품과의 유사성계수 목록을 확인한다.
- 단계 4. 유사성계수 순위에 따라 선택확률을 다르게 부여하여 랜덤하게 하나의 부품을 선택한다.
- 단계 5. 선택되어진 부품의 그룹에 첫 번째 부품을 할당하고 목록에서 삭제된다.
- 단계 6. 목록을 확인하여 재할당해야 할 부품이 남은 경우, 단계 2로 되돌아간다. 그렇지 않으면 종료된다.

4.4 적합도 함수

(1) Group efficacy

GGA의 변형에 대한 연구에서 사용하는 적합도 평가는 2가지의 평가기준을 사용되었다. 첫 번째 기준은 Kumar와 Chandrasekharan(1990)이 MPCF문제의 해를 평가하기 위해 개발한 group efficacy이다. 이것은 MPIM에서 '1'로 표현되는 기계작업 수를 고려하여 만들어진 것으로 셀간 이동수와 기계이용율을 고려하여 해를 평가하는 방법이다. 다음은 group efficacy(Γ)를 표현한 것이다.

$$\Gamma = \frac{1-\phi}{1+\phi} = \frac{1-e_o/e}{1+e_v/e} = \frac{e-e_o}{e+e_v} = 1 - \frac{e_o+e_v}{e+e_v}$$

여기서,

- e = 작업 수
- e_v = voids 수
- e_o = 셀간이동 수

위에서 ϕ 은 MPIM에 나타나는 동일한 셀에 속하지 않은 작업 수(diagonal block을 벗어난 '1')들의 비율이고, ϕ 은 작업 수에 대한 voids(diagonal block 내의 '0')의 비율을 의미한다.

(2) 셀간 이동(Intercell movement)

셀간 이동은 부품이 필요한 작업을 다른 셀에 속한 기계가 하는 경우 이동하는 것이다. 셀간 이동수는 각 세대에서 발생된 해들의 MPIM에서 동일한 셀에 속하지 않은 작업 수(diagonal block을 벗어난 '1')의 수로 정의한다. 다음은 셀간 이동수(ICM)를 표현한 것이다.

여기서,

- f_{ij} =기계 i와 기계 j의 작업을 받는 부품 수.
- x_{ir} = 기계 I가 r셀에 속하면 1, 그렇지 않으면 0.
- c = 셀 수
- M =기계 집합

각 셀에는 최소한 1대의 기계와 부품이 있으며 셀의 크기는 기계 수보다 크지 않다.

4.6 선별(Selection)

GGA의 각 세대마다 생성되는 해들에 대한 선별(selection)방법은 순위선별(ranking selection)을 사용하였다. 순위선별은 가장 좋은 개체로부터 순위를 주어 그 순위에 따라 선별확률을 부여하는 방법이다. 선별확률은 다음의 식으로 표현된다.

$$Prob(r) = q(1-q)^{r-1}, 0 < q < 1$$

$$\sum_{r=1}^{N_p} Prob(r) = \sum_{r=1}^{N_p} q(1-q)^{r-1} \approx 1$$

여기서, N_p = 모집단의 개체 수

- $Prob(r)$ = 순위가 r번째인 개체의 선별확률
- r = 순위
- q = 파라미터

5. 계산실험

본 연구에서 제시한 GGA를 MPCF에서 적용하여 알고리즘의 성능을 검증하기 위한 실험을 수행하였다. 문제의 구성은 6×12, 9×15이였으며, 각각 3문제에 대해 실험을 수행하였다.

GGA에 필요한 파라미터들은 이전 연구의 수치 및 실험을 통해서 정하여 다음과 같이 사용하였다.

세대 수	염색체 수	교차 비율	역순연산비율
50	100	0.2	0.03

예상결과는 문제의 크기가 커질수록 유사성계수를 통하여 해를 구성하는데 좋은 결과를 가져올 것으로 예상된다. 실험결과가 미진하여 결과에 대해서는 차후 학술지에 게재하도록 한다.

6. 결론

본 연구는 MPCF문제와 같이 군집화 문제에서 유능한 성능을 보여주는 GGA의 제안 및 GGA에서 중요한 영향을 미치는 제한당 대체과정에서 MPCF에 중요한 평가척도 중 하나인 유사성계수를 이용하여 GGA 진행과정이 개선하고자 하였다.

참고문헌

- J. L. Burbidge(1989), *Production Flow Analysis*, Clarendon Press
- Brown, EC., and Sumichrast, RT.(2001), CF-GGA: a grouping genetic algorithm for the cell formation problem. *International Journal of Production Research*, **39**, 3651-3669.
- Evelyn C. Brown, Robert t. Sumichrast(2003), Impact of the replacement heuristic in a grouping genetic algorithm. *Computer & Operations Research*, **30**, 1575-1593
- Gen, M., and R. Cheng(2000), *Genetic algorithms and engineering optimization*. John Wiley & Sons.

P.De Lit, and Falkenauer, E., and Delchambre, A. (2000), Grouping genetic algorithms: an efficient method to solve the cell formation problem. *Mathematics and Computers in Simulation*, **51**, 257-271

E. Falkenauer(1998), *Genetic Algorithms for Grouping Problems*. New York:Wiley

O.Geoffrey Okogbaa, Chen. M, C. Changchit, Richard L. Shell(1992), Manufacturing system cell formation and evaluation using a new inter-cell flow reduction heuristic. *International Journal of Production Research*, **30**, 1101-1118.

Gupta, T., and Seifoddini. H(1990), Production data based similarity coefficient for machine-component grouping decisions in the design of a cellular manufacturing system. *International Journal of Production Research*, **28**, 1247-1269.

Nair, G. j., and Narendran, T. T(1998), CASE: A clustering algorithm for cell formation with sequence data. *International Journal of Production Research*, **36**, 157-179.

Nair, G. j., and Narendran, T. T(1999), ACCORD: A bicriterion algorithm for cell formation using ordinal and ratio-level data. *International Journal of Production Research*, **37**, 539-556.

Wu, N.(1998). A concurrent approach to cell formation and assignment of identical machines in group technology. *International Journal of Production Research*, **36**, 2099-2114.

C. -T. Su., and C. -M. Hsu(1998), Multi-objective machine-part cell formation through parallel simulated annealing. *International Journal of Production Research*, **36**, 2185-2207.

Srinivasan, G.,(1994), A clustering algorithm for machine cell formation in group technology using minimum spanning trees. *International Journal of Production Research*, **32**, 2149-2158.

Won Y., Lee, K. C.(2001), Group technology cell formation considering operation sequences and production volumes. *International Journal of Production Research*, **39**, 2755-2768.

Kumar, C. S., and Chandrasekharan, M. P.(1990), Grouping efficacy: a quantitative criterion for goodness of block diagonal forms of binary matrices in group technology. *International Journal of Production Research*, **28**, 233-243.