

유연조립라인 밸런싱을 위한 유전알고리듬 A genetic algorithm for flexible assembly line balancing

김여근 · 김형수 · 송원섭
전남대학교 공과대학 산업공학과

Abstract

Flexible assembly line (FAL) is a production system that assembles various parts in unidirectional flow line with many constraints and manufacturing flexibilities. In this research we deal with a FAL balancing problem with the objective of minimizing the maximum workload allocated to the stations. However, almost all the existing researches do not appropriately consider various constraints due to the problem complexity. Therefore, this thesis addresses a balancing problem of FAL with many constraints and manufacturing flexibilities, unlike the previous researches. To solve this problem we use a genetic algorithm (GA). To apply GA to FAL, we suggest a genetic representation suitable for FAL balancing and devise evaluation method for individual's fitness and genetic operators specific to the problem, including efficient repair method for preserving solution feasibility. The experimental results are reported.

Keywords: flexible assembly line, line balancing, genetic algorithm

1. 서론

유연조립라인(Flexible Assembly Line: FAL)은 다양한 형태의 제품이 단방향의 흐름만을 허용하는 작업장에서 조립되는 생산시스템을 말한다(Lee and Stecke, 1996; Ammons et al., 1985; Sawik, 2001). 본 연구에서는 FAL의 밸런싱(balancing)문제를 다룬다. 밸런싱문제는 조립라인에 부과된 여러 제약들을 어기지 않고, 고려되는 목적이 최적이 되도록 라인 내의 작업장에 작업을 할당하는 문제이다.

본 연구에서는 FAL의 각 작업장에서 나타날 수 있는 현실적인 제약과 각 제품이 가질 수 있는 여러 조립순서를 고려한다. FAL의 각 작업장에서는 로봇에 의해 조립이 행하여 지므로 조립 가능한 작업과 그렇지 못한 작업이 있고, 각 작업에 필요한 설비 배치로 인해 요구되는 작업장 공간 때문에 할당 가능한 작업수가 제한될 수 있다. 이러한

작업장 특성으로 인한 특정 작업이 가능한 작업장이 제한될 뿐더러, 작업의 선행관계에 의해 더 축소될 수 있다. 또한 제품의 조립 순서유연성을 고려함으로써 유연조립라인의 설비의 효율화를 얻고자 한다.

본 연구에서는 FAL이 갖는 작업장 제약과 조립순서 유연성을 고려한 효율적인 작업할당 기법을 제시하는데 있다. 이를 위한 방법론으로는 유전알고리듬 (genetic algorithm)을 사용한다. 유전알고리듬은 일종의 메타휴리스틱(metaheuristic)으로, 자연의 진화 과정을 모방한 확률적 탐색기법이다(Kim et al., 1997a). 유전알고리듬을 FALB 문제 해결에 사용하기 위하여, 본 연구에서는 적절한 개체표현과 적응도 평가함수를 제안하고, 유전 연산자를 개발한다. 그리고 제안한 알고리듬의 성능 분석을 위하여, 새로운 발견적기법을 제안하고 이들 기법의 성능을 비교한다.

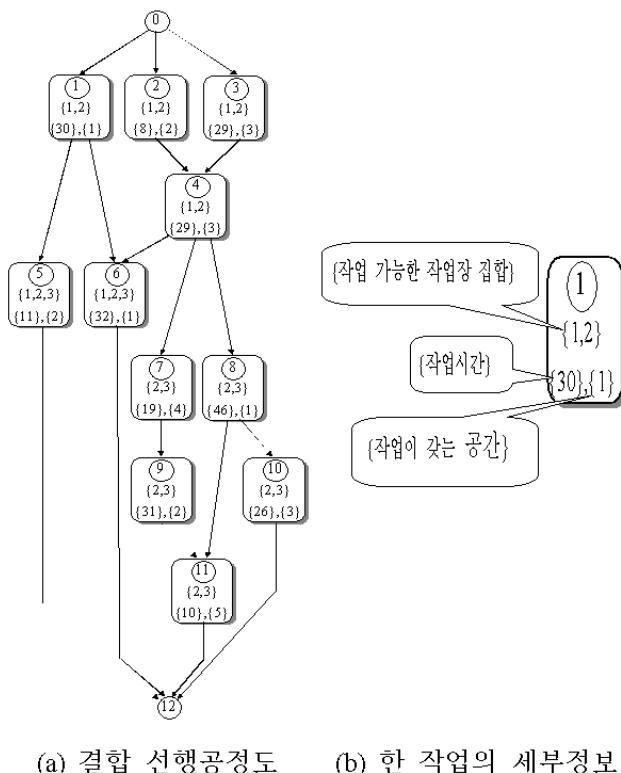
2. 문제 정의

본 연구에서 다루는 혼합제품 FALB을 위하여 아래와 같이 가정한다.

- 1) FAL은 고정된 수의 작업장을 가지며, 각 작업장에는 단지 하나의 조립기계가 할당되어 있다.
- 2) 부품 조립을 위해 지나온 작업장 재방문 (revisiting)은 불가하나 건너 뛰기 (bypass)의 전진은 가능하다.
- 3) 각 작업은 여러 작업장에서 작업될 수 있다.
- 4) 선행관계는 결합(combined)선행공정도로 표현된다. 이는 [그림1]과 같이 나타내어지고, 작업들의 선행관계, 작업 가능한 작업장집합, 조립소요시간, 작업에 필요한 공간크기의 정보를 담고 있다.
- 5) 각 제품에 대한 수요는 주어졌다.
- 6) 준비시간, 공구교환시간, 장착/탈착 시간은 조립 시간에 포함되었다.

본 연구에서는 FAL에서 위에서 언급한 가정 아래서, 작업선행제약과 작업장 공간제약 등의

작업할당 제약을 만족하면서, 작업장부하가 가장 큰 작업장의 부하를 최소로 하는 작업할당을 하고자 한다. 이때, 같은 유형의 작업이라도 제품에 따라 할당 작업장이 다를 수 있다고 본다. 전통적인 혼합제품 직선조립라인 밸런싱에서 부품들의 배치에 따른 혼잡과 작업자 기능의 한계로 인하여 모든 제품에서 같은 작업은 하나의 작업장에 할당되는 것으로 보았다.



[그림 1] FALB를 위한 네트워크 표현

3. 유연조립라인 밸런싱을 위한 유전알고리듬

본 연구에서는 엘리티즘(elitism)을 사용한 전통적인 유전알고리듬을 사용한다. 엘리티즘은 지금까지 얻은 가장 좋은 해를 보관하는 전략이다. 알고리듬의 기본 절차는 아래와 같다.

- 단계 1(초기모집단 생성): 초기모집단을 구성한다.
- 단계 2(개체 평가): 모든 개체들의 적응도를 평가 한다. 가장 높은 적응도를 f_{best} 로 둔다.
- 단계 3(종료조건): 종료조건이 만족되면 끝낸다.
- 단계 4(선택): 새로운 세대의 모집단을 토너먼트 선택으로 구성한다.
- 단계 5(재생산): 교차와 돌연변이 유전연산자를 적용하여 자손을 생산한다.
- 단계 6(평가와 최선해 갱신): 모집단에 있는 모든

개체의 적응도를 평가한다. 현재의 모집단에서 가장 높은 적응도를 f_{best} 와 비교하여, 더 높은 값을 갖는 개체를 최선해로 둔다. 그리고 단계 3으로 간다.

3.1 표현 및 초기 모집단

3.1.1 표현

유전알고리듬에서 개체는 주어진 문제의 잠재해를 가능한 자연스럽고 단순하게 표현되는 것이 바람직하다. 또한, 하나의 잠재해가 중복 표현되지 않은 것이 바람직하다. 개체는 행이 제품을 열이 작업을 나타내는 $(p \times m)$ 행렬로 표현한다. [그림 2]는 이를 보여주는 데, 인자 값, c_{ki} 는 제품 k 의 작업 i 가 행하여지는 작업장번호 (단, 제품 k 에서 작업 i 가 수행되지 않으면 $c_{ki}=0$)를 나타낸다..

$k \backslash i$	1	2	m
1	c_{11}	c_{12}	c_{1m}
2	c_{21}	c_{22}	c_{2m}
.....
p	c_{p1}	c_{p2}	c_{pm}

[그림 2] 개체표현

3.1.2 초기모집단

본 연구에서는 초기모집단 개체를 생산할 때, 작업의 선행제약과 할당가능 작업장 제약은 항상 만족되도록 한다. 또한, 선행제약을 만족하는 작업들 중에서 임의로 선택함으로써 다양한 해를 생산하도록 유도한다. 작업장 공간제약과 최대작업부하 만족하는 작업장이 없는 경우, 조립가능 작업장중에서 가장 앞에 위치한 작업장에 할당한다.

3.2 평가 함수와 선택

본 연구에서 사용하는 적응도 평가함수는 식 (1)과 같다. T_j 는 작업장 j 에 할당된 총 작업시간을, B_j 는 작업장 j 의 공간 용량을, b_j 는 작업장 j 에 이미 할당된 작업들의 소요작업공간을 나타낸다.

$$Eval = \max_j T_j + (c \times WS^\alpha) \quad (1)$$

여기서,

$$WS = \sum_{j=1}^n \left\{ \max \left(0, b_j - B_j \right) \right\}$$

이고, c 와 α 는 파라미터로 이들 값은 실험에 의해 결정하였다. 그리고, 첫째 항은 최대부하량을 갖는 작업장의 작업시간이고, 둘째 항은 벌금을 나타낸다. 적응도는 평가함수 값이 낮을수록 높아진다. 그리고, 선택은 토너먼트 선택을 사용한다.

3.3 유전연산자

유전연산자에는 교차(crossover)와 돌연변이(mutation)가 있다. 본 연구에서는 수정된 구조교차(structural crossover)를 사용한다. 사용된 구조교자는 다음과 같다. 범위 $[1, n]$ 에 있는 정수 중에서 임의로 정수 r 을 선택한다. 한 부모(P1)로부터 인자 값이 1부터 r 인 인자를 자손(O1)에게 상속한다. 다른 부모(P2)에서 1부터 r 까지의 값을 갖는 인자들을 모두 지운다. 자손(O1)에서 비어있는 인자들을 부모(P2)에서 복사한다. 자손(O1)에서 인자 값이 결정되지 않은 인자는 일종의 발견적 기법인 재할당 기법에 의해 보수한다. 다른 자손(O2)은 두 부모의 역할을 바꾸어 생산한다.

[그림 3]은 $r = 2$ 일 때, 교차의 예를 보이고 있다. 여기서 *는 부모로부터 인자값을 상속받지 못한 비어 있는 인자를 의미한다. 다음에 제시하는 재할당절차에 의해서 인자 값을 부여 받는다.

돌연변이는 개체 돌연변이율에 의해 개체들을 선택하고, 선택된 개체들에 대하여 인자 돌연변이율에 의해 인자를 선택한다. 이는 재할당 절차에 의해 작업장번호(인자 값)가 부여된다.

		$k \backslash i$	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
P1		1	1	1	1	2	0	1	2	3	0	3	3
		2	1	1	0	2	3	2	2	2	3	0	3
		3	1	0	1	2	3	1	2	2	3	3	0
O1		1	1	1	1	2	0	1	2	*	0	3	3
		2	1	1	0	2	*	2	2	2	3	0	3
		3	1	0	1	2	*	1	2	2	3	3	0
P2		1	1	1	2	1	0	1	2	2	0	3	3

2	1	1	0	2	2	1	3	2	3	0	3
3	1	0	2	1	2	1	3	2	3	3	0

[그림 3] 수정된 구조교차

본 연구에서 제안하는 재할당 절차에서는 문제가 갖는 특정 정보를 이용한다. 이 방법에서는 작업의 할당 가능한 작업장 제약, 선행제약, 작업장 공간제약과 함께 이미 할당된 작업장 작업부하를 고려하고 있다. 재할당 과정은 김형수 논문(2004)을 참조 할 수 있다.

제 4 장 실험 및 분석

4.1 실험설계 및 파라미터 설정

실험은 19개의 작업을 갖는 Tomopoulos 문제(Thomopoulos, 1967), 111개 작업을 가진 Arcus 문제(Arcus, 1963)를 대상으로 하였다. 이들 두 문제 이외에 김여근 외(Kim et al., 1997b)의 산학연구에서 얻은 작업이 61개인 문제를 사용하였다. 다양한 문제에 대한 실험을 위하여 <표 1>과 같이 제품 수와 작업장 수를 변화시켜 실험문제로 사용하였다.

<표 1> 실험문제

	문제 번호	작업수	모델수	작업장수
Tomopoulos	Prob01	19	3	3
	Prob02	19	3	4
	Prob03	61	4	12
	Prob04	61	4	18
	Prob05	61	6	12
	Prob06	61	6	18
Kim	Prob07	111	5	15
	Prob08	111	5	24
	Prob09	111	5	30
	Prob10	111	7	15
	Prob11	111	7	24
	Prob12	111	7	30
Arcus	Prob13	111	10	15
	Prob14	111	10	24
	Prob15	111	10	30

제안한 알고리듬은 C++프로그램 언어로 구현되었으며, 1.8GHz Pentium CPU를 장착한 IBM-PC에서 수행되었다. 다른 파라미터는 예비 실험을 통하여 비교적 우수한 성능을 보인 것으로 결정하였다.

4.2 실험결과

본 연구에서는 가장 많은 작업장의 작업부하를 최소화하는 목적을 사용하였다. 제안한 알고리듬의 성능 비교를 위하여 발견적 기법을 개발하였다. 이 비교 알고리듬은 김형수 논문 (2004)을 참조할 수 있다. 두 알고리듬의 성능실험 결과는 <표 2>와 같다. <표 2>에서 'Best', 'Mean', 'Std'는 각각 10회 반복실험 동안 비교알고리듬과 유전 알고리듬이 보인 목적함수 값이 가장 좋은 것, 평균값, 표준편차이다. 마지막 열은 유전알고리듬의 개선율(Improved rate)로써, $\{(비교알고리듬의 Mean - EA의 Mean)/비교알고리듬의 Mean\} \times 100\%(\%)$ 의 식에 의해 계산하였다. <표 2>의 Prob07 ~Prob15 문제에서 제시한 값들은 개선율을 제외하고 기본 단위를 1,000으로 나눈 값이다.

<표 2> 알고리듬간 해의 질적인 측면 비교

Problem	비교알고리듬			EA			Improved rate (%)
	Best	Mean	Std	Best	Mean	Std	
Prob01	258	259	1.0	256	257	0.9	0.77
Prob02	194	197	1.0	192	193	1.0	2.03
Prob03	1,656	1,698	15.0	1,574	1,592	9.4	6.24
Prob04	1,156	1,171	8.0	1,072	1,092	11.6	6.75
Prob05	3,172	3,180	4.0	2,912	2,922	6.1	8.11
Prob06	2,220	2,225	3.6	1,964	1,984	14.1	10.83
Prob07	3,259	3,291	14.2	2,941	2,962	11.9	10.00
Prob08	1,111	1,113	1.0	948	958	5.5	13.93
Prob09	1,864	1,868	5.1	1,548	1,557	9.9	16.65
Prob10	3,109	3,113	2.6	2,774	2,783	4.2	10.60
Prob11	2,095	2,100	2.0	1,762	1,782	9.3	15.14
Prob12	1,764	1,767	1.9	1,432	1,450	8.5	17.94
Prob13	6,072	6,087	7.2	5,390	5,404	8.7	11.22
Prob14	4,104	4,110	2.5	3,430	3,448	10.8	16.11
Prob15	3,449	3,455	3.2	2,772	2,787	8.8	19.33

실험결과, 비교알고리듬보다 유전알고리듬에 의한 해가 더 좋음을 알 수 있다. 특히, 문제의 복잡도가 높아질수록 제안한 알고리듬의 해

개선율이 높아짐을 알 수 있다. 제안한 알고리듬의 평균 CPU 소요시간은 각 문제별로 2초, 39초, 311초 정도 소요되었다.

5. 결론

본 연구에서는 FAL 밸런싱을 다루었다. 다루는 문제는 기존의 전통적인 직선 조립라인에서 혼합모델의 작업할당과는 달리, 동일 작업이라도 제품에 따라 다른 작업장에의 할당을 허용하였다. 그리고 각 작업을 행할 수 있는 작업장은 모든 작업장이 아니라 한정된 작업장으로 두었다. 이러한 문제를 유전알고리듬을 사용하여 해결하였다. 유전알고리듬의 이용을 위하여, 새로운 유전표현과 유전연산자를 개발하였다. 실험결과, 제안한 알고리듬의 성능이 우수함을 보였다.

<감사의 글> 이 연구는 2003년도 한국학술진흥재단의 지원에 의하여 연구되었음(KRF-2003-002-D00362).

참고문헌

- 김형수, (2004), 진화알고리듬을 이용한 유연조립라인 밸런싱, 전남대학교 석사학위논문
- Ammons, J. C., Lofgren, C.B. and McGinnis, L.F. (1985), A large scale machine loading problem in flexible assembly, *Annals of Operations Research*, 3, 319-332.
- Arcus, A. L. (1963), An analysis of a computer method of sequencing assembly line operations, Ph.D. dissertation, University of California.
- Kim, Y. K., Yoon, B. S. and Lee, S. B. (1997a), Metaheuristic, *Yeongji Moonhwasa*, Seoul, Korea.
- Kim, Y. K., Lee, Y. S. and Kim, Y. J. (1997b), A genetic algorithm for improving the workload smoothness in mixed model assembly lines, *Journal of the Korean Institute of Industrial Engineers*, 23, 515-532.
- Lee, H. F. and Stecke, K. E. (1996), An integrated design support method for flexible assembly system, *Journal of Manufacturing Systems*, 15, 13-32.
- Sawik, T. (2001), Mixed integer programming for scheduling surface mount technology lines, *International Journal of Production Research*, 39, 3219-3235.
- Thomopoulos, N. T. (1967), Line balancing-sequencing for mixed-model assembly, *Management Science*, 14, 59-75.