

동적 공정계획에서의 기계선정을 위한 다목적 유전자 알고리즘

최희련*, 김재관*, 노형민#, 이홍철**

Multi-Objective Genetic Algorithm for Machine Selection in Dynamic Process Planning

Hoe Ryeon Choi*, Jae Kwan Kim*, Hyung-Min Rho# and Hong Chul Lee**

ABSTRACT

Dynamic process planning requires not only more flexible capabilities of a CAPP system but also higher utility of the generated process plans. In order to meet the requirements, this paper develops an algorithm that can select machines for the machining operations by calculating the machine loads. The developed algorithm is based on the multi-objective genetic algorithm that gives rise to a set of optimal solutions (in general, known as the Pareto-optimal solutions). The objective is to satisfy both the minimization number of part movements and the maximization of machine utilization. The algorithm is characterized by a new and efficient method for nondominated sorting through K-means algorithm, which can speed up the running time, as well as a method of two stages for genetic operations, which can maintain a diverse set of solutions. The performance of the algorithm is evaluated by comparing with another multiple objective genetic algorithm, called NSGA-II and branch and bound algorithm.

Key Words : Dynamic process planning (동적 공정계획), Machine loads (기계부하), Multi-Objective genetic algorithm (다목적 유전자 알고리즘), K-means algorithm (K-means 알고리즘)

1. 서론

공정계획(process planning)은 CAD (Computer Aided Design) 설계도면 정보를 바탕으로 원하는 최종 형상을 얻기 위하여 필요한 기계, 작업순서, 가공조건 등을 결정하는 작업이다.¹ 결정되는 내용 중에서 최적의 기계결정을 위해서는 작업장 상태

를 파악하고 있어야 한다.² 작업장 상태를 파악할 수 있는 대표적인 요인은 기계부하이며 일정계획(scheduling) 단계에서 얻을 수 있다.

일정계획은 공정계획에서 결정되는 내용을 기초로 작업(operation)간의 순서와 자원의 제약을 고려하여 기계에 가공물을 장착, 탈착하는 시간을 계획하는 것이다.³ 따라서 공정계획과 일정계획은

☞ 접수일: 2006년 7월 4일; 게재승인일: 2007년 1월 18일

* 한국과학기술연구원 지능인택션연구센터

교신저자: 한국과학기술연구원 미래융합기술연구소

E-mail: hmrho@kist.re.kr Tel. (02) 958-5641

** 고려대학교 정보경영공학부

밀접한 상호 관련성을 갖는다. 즉, 공정계획에서 가공기계 및 공구의 결정은 일정계획과 서로 의존적이며 의존성을 고려하지 않고 작성된 공정계획의 일부는 일정계획에서 수행되지 못하는 사례가 발생되기도 한다. 이러한 사례를 줄이기 위해서 일정계획과 의존적이며 작업장 상황 변화에 대응할 수 있는 동적 공정계획(dynamic process planning)이 필요하다.^{4,5}

동적 공정계획을 수행하기 위한 방법으로는 공정계획과 일정계획의 통합이 있으며, 대표적으로 다음과 같은 연구가 있다.⁶ 대체공정, 대체기계 및 대체공구 등을 고려하여 작업 가능한 모든 대체 공정계획(alternative process plans)을 생성하는 통합 방법과 일정계획 단계에서 생성된 내용을 공정계획 작성시 반영하는 동적 피드백(feedback) 형성방법이 있다. 전자의 방법은 대체 공정계획 중에서 일정계획 단계에 맞는 공정계획의 선택으로 기존 시스템 변경의 폭이 작은 반면에 정보의 흐름이 공정계획에서 일정계획으로의 단방향인 정적인 체계를 가진다. 후자는 작업장 상황을 고려한 공정계획을 작성할 수 있으나, 작업장 상황의 변화에 대응하는 재공정계획의 비용 발생이 일어난다.

Moon⁷은 대체기계와 대체작업순서를 고려하고 작업장 상황에 근접할 수 있는 제약들을 추가한 통합 모델을 수립하였다. Zhang⁸은 일정계획 결과를 그래픽을 통해 사용자에게 제공한 후 사용자의 선택에 따라 제약과 요구사항을 공정 모델에 추가하여 재공정을 수행하는 모델을 제시하였다. Kumar⁹는 공정계획 수행 중, 작업장의 상태를 반영하고 기계의 성능을 비용으로 환산하여 기계를 선정하는 방법을 제시하였다. 그러나 위의 연구들은 사용중인 CAPP (Computer Aided Process Planning) 시스템과의 연계가 부족하다.

따라서 본 논문에서는 개발된 CAPP 시스템인 FIPS (Feature-based Intelligent Process planning System)¹⁰에서 생성되는 대체 공정계획 정보를 기반으로 기계부하를 예측할 수 있는 일정계획 알고리즘을 개발하여 일정계획 알고리즘을 통해 생성된 기계부하를 FIPS의 기계 선정에 사용함으로써 동적 공정계획과 CAPP 시스템과의 연계성을 높인다.

Fig. 1은 본 논문에서 제시하는 FIPS를 기반으로 한 동적 공정계획 시스템의 구조를 보여주고 있으며 다음과 같은 특징을 가진다.

- (1) FIPS의 구조를 유지하면서 작업장의 상태를 반영하는 공정계획을 수행할 수 있다. 작업장의 상태는 기계부하를 통해 반영한다.
- (2) 기계부하는 일정계획의 결과로 얻어지며, 일정계획의 입력 값으로는 대체 공정계획들을 사용함으로써 재공정 비용을 줄일 수 있다.
- (3) 일정계획은 생산 시스템의 효율성을 높이기 위하여 두가지 이상의 목적들을 고려한 다목적 유전자 알고리즘을 개발하여 생성한다.

이와 같은 특징은 FIPS의 공정계획 시스템을 정보 흐름이 동적 피드백의 구조를 가지게 하는 동적 공정계획 시스템으로 변경시킬 수 있다.

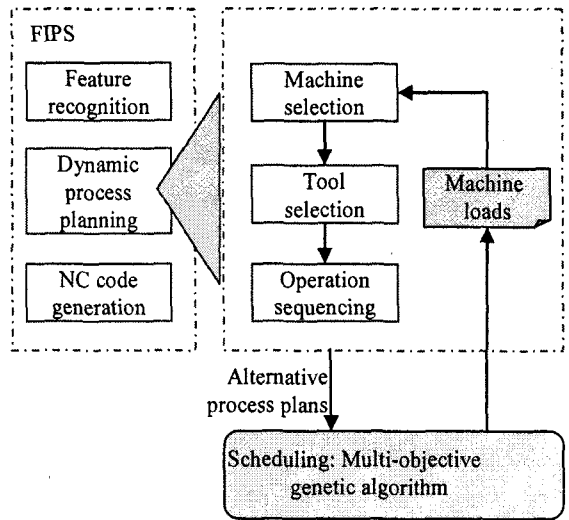


Fig. 1 The schematic diagram of dynamic process planning with machine load calculation for selecting machines

일반적으로 일정계획은 추구하는 목적들이 여러 개 존재한다. 목적들은 기계부하의 균형 최대화, 총 가공시간 최소화, 부품이동 최소화, 준비비용 최소화 등이 있다. 본 논문에서는 실제 작업장 상황에 근접하고 일정계획의 유용성을 높이기 위해서 단일 목적보다는 다목적을 고려한다. 목적들 중에서 기계부하의 균형화는 기계 이용률 측면에서 좋은 효과를 보일 수 있으며, 부품이동 최소화는 가공에 따르는 준비 비용을 줄일 수 있으며 생산시간의 단축에 중요하다.¹¹ 그러므로 본 논문에서는 일정계획의 목적 중에서 기계부하 균형의 최

대화와 부품이동 최소화를 사용한다.

다목적성을 고려한 일정계획의 최적해를 찾기 위한 방법으로는 목표계획법(goal programming), 효용함수법(utility function), 가중치적용법(weighting factor) 등이 있다. 그러나 이 방법들은 기존 사이의 우선순위를 부여하거나, 새로운 함수를 생성하는 등의 부수적인 절차를 수행해야 하는 어려움이 있다.¹²

본 논문에서는 파레토(pareto) 최적해 이론을 이용하여 이 이론을 적용하는데 적합한 기법으로 알려져 있는 다목적 유전자 알고리즘(multi-objective genetic algorithm)을 사용한다. 또한 다목적 유전자 알고리즘의 성능을 향상시키기 위하여 K-means 알고리즘을 추가하여 일정계획 알고리즘을 개발한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2 장에서는 다목적 유전자 알고리즘과 K-means 알고리즘에 대한 소개를 하고, 3 장에서는 본 논문에서 제시하는 다목적 유전자 알고리즘의 특징과 절차 및 유전 연산자에 대한 소개를 한다. 개발한 알고리즘 성능에 대한 실험결과와 제시와 분석은 4 장에서 하며 마지막으로 5 장에서는 결론과 향후 연구에 대하여 서술한다.

2. 다목적 유전자 알고리즘과 K-means 알고리즘

기계부하를 계산하기 위한 일정계획은 작업장의 상황에 따라 평가기준들을 조절하고 고려하는 다목적 최적화 문제이다. 본 논문에서는 기계부하의 균형 최대화와 부품이동의 최소화를 고려하여 일정계획의 유용성을 높인다. 기준들을 동시에 고려하여 가장 적합한 해를 선택할 수 있게 해주는 이론으로 파레토 이론이 있다. 파레토 이론은 어느 평가기준에도 지배되지 않는 해인 비지배해(non-dominated solutions)를 찾아가는 이론이다.¹²

일정계획과 같이 해공간이 넓은 조합 최적화 문제는 파레토 최적해 집합을 표현하기 위해서 잠재 해들로 구성된 모집단을 운용하는 것이 적합하다. 모집단을 이용하여 해공간을 탐색하고 다기준을 고려하는 알고리즘으로는 다목적 유전자 알고리즘이 있다. 따라서 본 논문에서는 기계부하를 얻기 위한 일정계획 알고리즘으로 다목적 유전자 알고리즘을 적용한다.

다목적 유전자 알고리즘은 유전 연산자(genetic

operator - 교차, 돌연변이, 선택 등)와 비지배해들을 선별하는 개체선별 방법(method of individual selection)을 적용하여 다음 세대의 해집단을 구성하는 진화 알고리즘이다.¹² Fig. 2는 다목적 유전자 알고리즘을 설명하고 있다. Fig. 2에서 X축과 Y축은 목적들의 값을 표현하고, 기호○는 생성된 해공간을 이루는 개체들을 의미한다. 다목적 유전자 알고리즘은 첫 세대(1st generation) 해공간을 구성한 후 유전 연산자와 개체선별 방법을 이용하여 다음 세대로의 진화과정을 거쳐 각 목적들에 수렴해 나간다. 최종 세대(final generation)에서는 각 목적들에 수렴한 비지배해 집단을 보여주고 있다. 예를 들어 Fig. 2에서의 목적 1, 2는 최소화 문제이며, 최종 세대에서는 목적 1, 2에 대하여 동시에 지배 당하는 개체가 없는 비지배해들을 보여주고 있다.

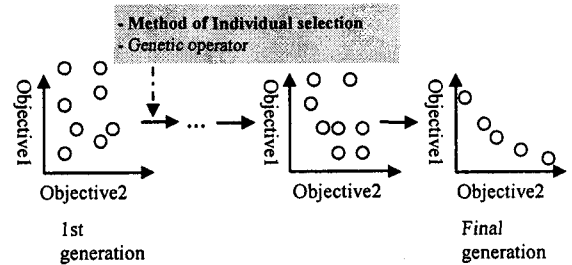


Fig. 2 A multi-objective genetic algorithm

다목적 유전자 알고리즘은 파레토 최적해로의 수렴과 다양한 해공간을 유지하기 위하여 적응도(fitness)에 따른 비지배해의 순위 부여방법을 포함한 개체선별 방법에 주된 관심을 두고 있다.

이에 관한 연구는 초기에 개발된 벡터평가 유전자 알고리즘(Vector Evaluated Genetic Algorithm: VEGA)으로부터 파레토 유전자 알고리즘(Pareto Genetic Algorithm: PGA), 적소 파레토 유전자 알고리즘(Niched Pareto Genetic Algorithm: NPGA) 그리고 비지배분류 유전자 알고리즘(Nondominated Sorting in Genetic Algorithm: NSGA) 등이 있다.¹³⁻¹⁷ 기존의 연구된 알고리즘들은 해공간의 다양성이 부족하거나, 개체선별 방법에서 결정해야 하는 파라미터의 수가 많다는 단점을 가지고 있다.

따라서 본 논문에서는 기존의 연구를 보완하기 위하여 다음과 같은 특징을 가지는 다목적 유전자 알고리즘을 개발한다. (1) 기존 알고리즘의

개체선별 방법의 복잡성을 단순화시켜 알고리즘 견고성을 향상시킨다. (2) 세대 진화과정에서 클러스터링(clustering)의 한 방법인 K-means 알고리즘을 이용하여 해공간의 다양성을 유지하여 해공간의 질을 향상시킨다.

클러스터링은 속성이 유사한 개체들을 묶어서 몇 개의 의미 있는 그룹으로 나누는 행위를 말한다. 클러스터링 방법 중에서 대표적인 방법으로는 미리 그룹수를 정하고 시작하는 K-means 알고리즘이 있다.¹⁸ K-means 알고리즘은 개체 사이의 거리를 계산하는 유클리디안 거리(Euclidean distance)를 사용하여 그룹을 나눈다. 또한 두 개체 간의 '거리' 개념의 적용은 '차원'의 제약을 받지 않는다는 장점을 가지며 이런 장점은 다차원 해공간을 분류하는 방법으로 K-means 알고리즘을 사용한 이유가 된다. 본 논문에서의 유클리디안 거리의 계산식은 식(1)과 같다.

$$\text{Distance} = \sqrt{(X_i - X_a)^2 + (Y_i - Y_a)^2} \quad (1)$$

- X_a = 임의로 선택된 중심 개체의 objective1 값
- Y_a = 임의로 선택된 중심 개체의 objective2 값
- X_i = 임의로 선택된 개체의 objective1 값
- Y_i = 임의로 선택된 개체의 objective2 값

한 개체(X_i, Y_i)를 선택한 후 그룹 수 K 개만큼 임의로 선택된 중심 개체(X_a, Y_a)들과의 각각의 거리를 구한 후에 가장 가까운 거리에 있는 중심 개체의 그룹에 개체를 포함시킨다.

Fig. 3은 K-means 알고리즘이 임의로 미리 정해진 그룹 수 K(=4)개 만큼의 중심 개체를 선택하여 그 개체로부터 근접거리에 있는 개체들을 그룹으로 만들어 주고 있음을 보여주고 있다. Fig. 3의 점 하나는 개체 하나에 해당하며 검은 색으로 칠해진 점은 임의로 선택된 K 개의 중심 개체를 의미한다.

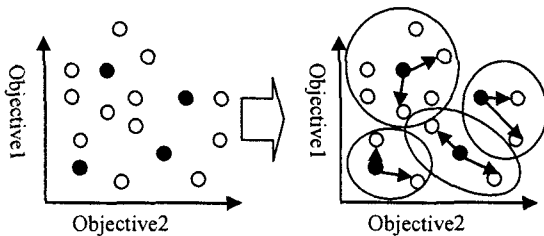


Fig. 3 K-means algorithm

3. 기계부하 계산을 위한 다목적 유전자 알고리즘

3.1 유전자 표현

다목적 유전자 알고리즘에서 문제를 해결하기 위해 생성하는 해공간을 구성하는 인자를 염색체(chromosome) 혹은 개체(individual)라고 한다. 염색체를 이루는 하나하나의 요소는 유전인자(gene)이다. Fig. 4에서 X는 염색체 또는 개체를 의미하며 n 개의 부품 Part n 별 작업들의 순서조합을 나타낸다. 또한 X 개체의 유전인자는 작업에 할당되는 기계 유전인자 M_{nm} 과 작업의 우선순위를 보여주는 우선순위 유전인자 P_{nm} 의 이중 조합으로 이루어진다. Fig. 4에서 유전인자 M_{nm} 은 부품 n의 작업 m에 할당되는 기계 유전인자를, P_{nm} 는 부품 n의 작업 m이 가지는 우선순위 유전인자를 나타낸다. 작업간의 선행관계는 우선순위 유전자로 표현하며, 각 부품간의 선행관계는 존재하지 않는다.

		Part 1			Part n			
X :		M_{11}	...	M_{1j}	...	M_{n1}	...	M_{nm}
		P_{11}	...	P_{1j}	...	P_{n1}	...	P_{nm}

Fig. 4 Chromosome linking machine genes and priority genes per parts

Fig. 5는 Fig. 4에서 표시한 X 개체를 실제 개발단계에서 표현한 예를 보여주고 있다. Part 1의 첫번째 작업은 기계 1에 할당되고 우선순위 1을 가지고 있음을 보여준다. 대체기계를 고려하므로 기계의 유전인자는 중복되어질 수 있으나 우선순위 유전인자는 중복되어질 수 없다. 각 부품의 작업수는 동일하지 않게 주어진다.

		Part 1			Part n			
X :		1	...	3	...	2	...	1
		1	...	6	...	n-j	...	n

Fig. 5 Example of a chromosome

3.2 목적 함수 및 적응도 함수

본 논문에서 개체 평가를 위한 목적 함수는 시스템의 효율성을 높이기 위하여 기계부하 균형의 최대화와 부품이동 최소화의 결합으로 식(2)와 같다. 식(3)의 $f_1(x)$ 은 기계부하 균형의 최대화를 각 기계이용시간과 평균 기계이용시간의 차이 최소화로 변환한 함수이며 이는 전체 목적 함수 $f(x)$ 를 최소화 문제로 통일시키기 위한 것이다. $f_2(x)$ 는 부품 이동의 최소화를 나타내는 함수이며 식(4)와 같다.

$$\min f(x) = \min f_1(x) + \min f_2(x) \quad (2)$$

$$f_1(x) = \sum_{i=1} |Mu_i - Mu_{avg}| \quad (3)$$

$$f_2(x) = \alpha * \sum_{i=1} \delta(P_i, P_{i+1}) \quad (4)$$

- $\min f(x)$ = 목적함수
- $f_1(x)$ = 기계별 이용시간의 차이
- $f_2(x)$ = 부품 이동에 걸리는 시간
- Mu_i = 기계 i 의 이용시간
- Mu_{avg} = 평균 기계 이용시간
- α = 부품이동 시간
- P_i = 부품 i
- $\delta(P_i, P_{i+1})$ = $\begin{cases} 1 & , \text{ if } P_i \neq P_{i+1} \\ 0 & , \text{ otherwise} \end{cases}$

식(5)는 본 논문에서 생존할 해들의 순위를 결정하기 위한 개체선별 적응도 함수이다. 기존 연구의 개체선별 적응도 함수에 포함된 파라미터의 수를 줄임으로써 파라미터의 값에 의해 생존되는 해들의 변화를 감소시켰다.

$$fitness_{ranking}(x_i) = \frac{1}{Val_{ix} + |f_1(x) - f_2(x)|} \quad (5)$$

- Val_{ix} : i 그룹에서 x 개체의 전체 목적함수 값
- $f_1(x)$: x 개체의 목적함수 1의 값
- $f_2(x)$: x 개체의 목적함수 2의 값

3.3 유전 연산자

대표적인 유전 연산자는 교차 연산자(crossover operator)와 돌연변이 연산자(mutation operator)가 있다. 본 논문에서 사용된 교차 연산자는 작업간의

우선순위 존재로 인하여 유전자의 순서를 가능한 유지시켜주는 것으로 알려져 있는 부분일치 교차 (Partially Matched Crossover: PMX) 이다. 교차시킬 범위선정은 이원점(two-point)을 사용하고 이원점의 위치는 임의로 선택한다. 우선순위 유전자는 교차 연산을 적용한 후에 작업의 우선순위가 중복 발생하지 않도록 유전자를 조정하고 부품내의 작업 우선순위를 유지시켜주는 역할을 한다. 돌연변이 연산자는 선택된 하나의 유전자를 임의의 유전자로 변경시켜주어 해의 탐색 영역을 넓게 유지시켜 지역해에 빠질 확률을 줄여준다.

Fig. 6은 교차 연산자를 적용하여 새로운 개체를 생성하는 과정을 보여주고 있다. Fig. 6(a)의 X1과 X2는 이미 생성되어 있는 모집단의 개체를 표시하고 Fig. 6(b)의 Y1과 Y2는 X1과 X2에 교차 연산자를 적용하여 다음 세대를 구성하는 개체를 의미한다. Fig. 6의 기호 \Downarrow 는 개체 X1과 X2의 교차시킬 인자의 구간을 나타내는 기호이며 기호 사이에 있는 유전인자들을 교환한다. 교환 후에 발생하는 우선순위 유전인자의 중복은 Fig. 6(c)에서처럼 Y1과 Y2의 교차된 인자의 구간 밖에서 발생된 중복 우선순위 유전인자를 서로 교환함으로써 해결한다. 단 우선순위 유전인자에 해당되는 기계 유전인자도 함께 교환한다.

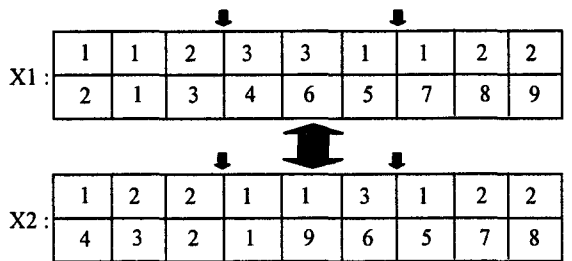


Fig. 6(a) Random two-points selection for crossover

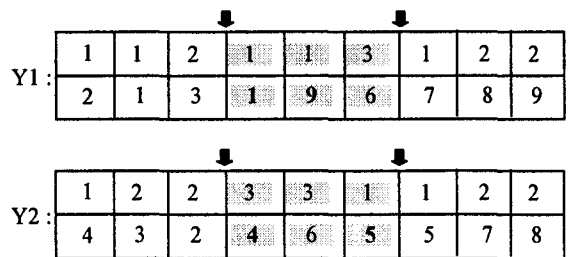


Fig. 6(b) New chromosome after crossover

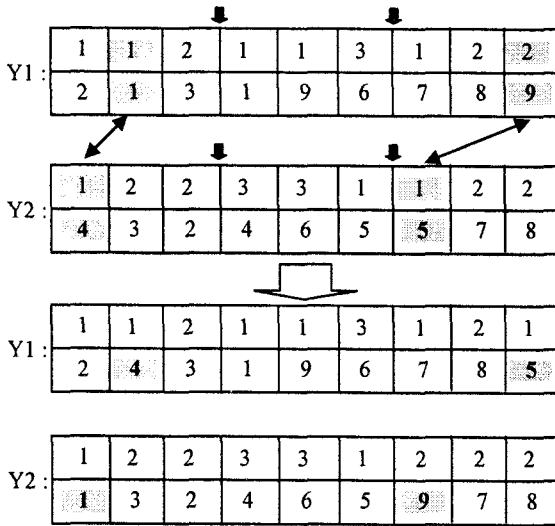


Fig. 6(c) New chromosome after avoiding duplication of priority genes

3.4 알고리즘

본 논문에서 개발된 알고리즘의 단계별 순서는 다음과 같다. Fig. 7은 알고리즘의 순서도를 표시하고 있다.

- 단계 1: 초기 해공간을 임의로 형성한다.
- 단계 2: 해공간을 구성하는 개체들을 목적함수를 이용하여 평가한다.
- 단계 3: K-means 알고리즘을 이용하여 해공간을 정해진 K 만큼의 그룹으로 나눈다. 본 논문에서는 4 개의 그룹으로 해공간을 나눈다.

- 1 그룹: 첫번째 목적인 기계이용시간 차이의 최소화에 우성 개체를 가지는 개체그룹
- 2 그룹: 두번째 목적인 부품이동 최소화에 우성 개체를 가지는 개체그룹
- 3 그룹: 첫번째 목적과 두번째 목적에 우성 개체를 가지는 개체그룹
- 4 그룹: 모든 목적들에 열성 개체를 가지는 개체그룹

- 단계 4: 클러스터링된 그룹 내에서 적응도 함수(식(4))를 적용하여 각 개체에 순위를 정한다.
- 단계 5: 각 집단에서 1 순위의 우수한 개체들을 선별(elitism)하여 새로운 그룹(엘리트 그룹)을

생성한다. 선별된 개체들은 각 그룹에서 제거하여 중복을 없앤다.

단계 6: 유전 연산자를 적용하여 새로운 해공간을 형성한다. 다음 단계를 순차적으로 이용하여 개체를 생성한다.¹⁹

단계 6.1: 단계 3에서 생성된 그룹들(단계 5에서 생성된 엘리트 그룹 제외) 간에 개체들을 선택하여 유전 연산자를 적용한다. 예를 들어 1 그룹과 2 그룹의 개체를 임의로 선택한 후 두 유전 연산자를 실행한다.

단계 6.2: 단계 5에서 생성된 엘리트 집단의 개체 사이에 유전 연산자를 적용한다.

단계 7: 일정 세대 수를 만족(종료조건)할 때까지 단계 2와 단계 6 사이를 반복한다.

4. 실험설계 및 결과

4.1 실험설계

본 논문에서 개발한 알고리즘의 성능은 다음과 같이 실험설계 두 가지를 가지고 검증하였다.

<실험설계 1>

실험설계 1은 본 논문에서 제안한 다목적 유전자 알고리즘에서 얻는 최종 결과해의 유효성(validity)을 검증하기 위한 설계이다. 분기한정법(branch and bound)과 비교하므로 작업 수를 10 개 미만으로 설계하였다.

- (1) 절삭가공을 대상으로 작업장의 형태는 job shop으로 가정한다.
- (2) 각 부품은 여러 개의 작업을 수행하여 가공되며, 기계의 개수=3, 부품의 개수=4, 총 작업의 개수=9이다.
- (3) 각 작업들 사이에는 우선순위가 존재하며, 모든 기계에서 가공이 가능하다.
- (4) 제시하는 다목적 유전자 알고리즘과 관련된 파라미터는 다음과 같다. 종료조건이 되는 세대수=1000, 모집단의 개체수=1000이며, 유전 연산자인 교차율과 돌연변이율은 0.5 와 0.01을 사용한다.

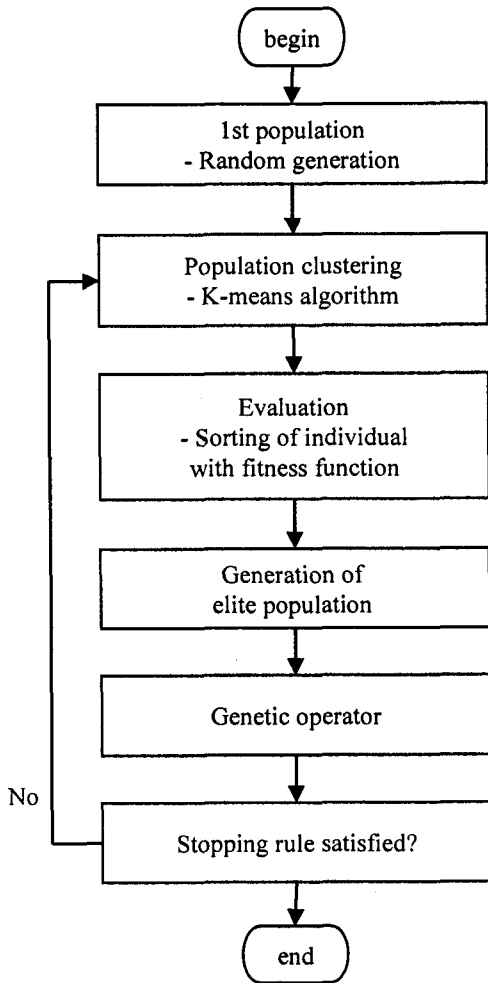


Fig. 7 The Flow chart of the developed algorithm

<실험설계 2>

실험설계 2 는 다목적 유전자 알고리즘에서 주요 연구과제가 되고 있는 해공간의 다양성과 해의 질적 향상을 평가하기 위한 설계이다. 다목적 유전자 알고리즘 중에서 비교적 최근에 개발된 NSGA-II 와 비교한다.

- (1) 절삭가공을 대상으로 작업장의 형태는 job shop 으로 가정한다.
- (2) 각 부품은 여러 개의 작업을 수행하여 가공되며, 기계의 개수=5, 부품의 개수=10, 총 작업의 개수=26 이다.
- (3) 각 작업들 사이에는 우선순위가 존재하며,

모든 기계에서 가공이 가능하다.

- (4) 종료조건이 되는 세대수=1000, 모집단의 개체수=1000 이며, 유전 연산자인 교차율과 돌연변이율은 0.5 와 0.01 을 사용한다.

유전 연산자에 적용된 연산자율 선정은 본 논문에서 제시한 실험대상을 상대로 수 차례의 실험을 통하여 NSGA-II 와 개발된 알고리즘에서 좋은 성능을 보여주고 있는 연산자율로 선정하였다.

4.2 실험결과

개발한 다목적 유전자 알고리즘에서 얻어지는 결과해의 유효성은 실험설계 1 을 적용하여 분기한정법에서 얻어지는 최적해와의 비교를 통해 검증하였다. Table 1 은 알고리즘 수행에 걸리는 수행시간과 결과해의 목적값인 전작업완료 시간을 나타내고 있다. 다목적 유전자 알고리즘의 결과값은 20 번의 실험 반복을 통한 평균값이다. 다목적 유전자 알고리즘과 분기한정법의 전체작업완료 시간은 각각 300 과 280 분으로 다목적 유전자 알고리즘에서 얻어지는 가능해(feasible solution)는 분기한정법에서의 최적해(optimal solution)에 근접함을 알 수 있다. 각 알고리즘의 수행시간은 0.72 분과 357.42 분으로 다목적 유전자 알고리즘의 수행시간이 분기한정법의 수행시간보다 356 여분 빠르게 수행됨을 알 수 있다.

Table 1 Comparison of validity between multi-objective genetic algorithm and branch and bound algorithm

	Multi-objective genetic algorithm	Branch and bound algorithm
Makespan time(min)	300	280
Running time(min)	0.72	357.42

개발한 알고리즘의 해공간 다양성과 해들의 질적인 향상성은 기존 다목적 유전자 알고리즘인 NSGA-II 를 적용한 결과와 비교하여 입증하였다. Fig. 8 은 개발한 다목적 유전자 알고리즘과 NSGA-II 를 통해 최종적으로 얻은 비지배해들을 보여주고 있다. X 축과 Y 축은 부품이동에 소요되

는 시간과 기계별 이용시간의 차이(기계이용율의 변환된 표현)를 표시한다. 두 알고리즘의 수렴성은 유사하지만, 비지배해의 질적인 면과 해의 다양성은 Fig. 8 에서 보여주듯이 개발된 알고리즘이 NSGA-II 보다 향상되었음을 알 수 있다. 개발된 알고리즘의 최적의 비지배해는 기계별 이용시간의 차이는 720 분, 부품이동의 걸리는 시간은 2170 분 이고, NSGA-II 는 각각 730 분, 2400 분으로 약 8%정도의 향상을 보인다.

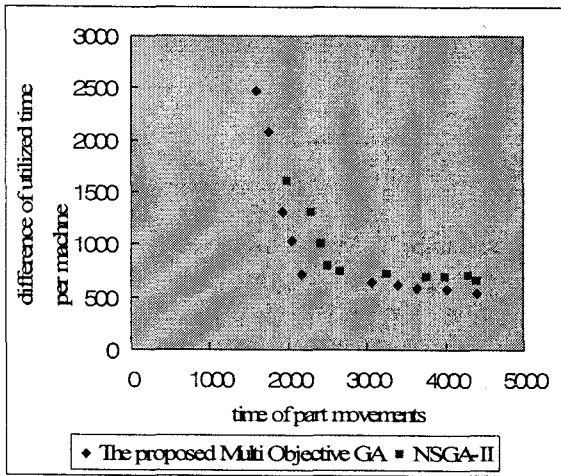


Fig. 8 Results of the developed multi-objective genetic algorithm and the NSGA-II

5. 결론

본 논문에서 FIPS 에서 생성되는 대체 공정계획 정보를 기반으로 기계부하를 예측할 수 있는 일정 계획 알고리즘을 개발하였으며 개발된 일정 계획 알고리즘을 통해 생성된 기계부하를 FIPS 의 기계 선정에 사용함으로써 동적 공정계획과 CAPP 시스템과의 연계성을 높였다. 특히 일정계획을 통해 생성되는 기계부하의 정보 유용성을 향상시키기 위하여 K-means 알고리즘을 다목적 유전자 알고리즘에 적용하였다.

또한 본 논문의 서론에서 언급한 동적 공정 계획 시스템 구조는 기존의 CAPP 시스템과의 연계를 고려하여 설계되었으며 시스템의 큰 변경 없이 적용할 수 있다.

개발된 다목적 유전자 알고리즘의 유효성과 성능은 분기한정법과 NSGA-II 알고리즘을 이용하여

검증하였다. 검증결과, (1) 분기한정법을 수행한 후 얻어지는 전체 작업완료 시간과의 차이가 20 여분 정도였으며, 실행속도 면에서는 356 여분 정도 빠르게 수행되었다. (2) 해공간의 다양성과 해의 질적인 향상은 NSGA-II 알고리즘에 비하여 8%의 향상을 보였다.

따라서 본 논문에서 제시한 알고리즘은 기계 부하를 이용한 동적 공정계획의 성능을 향상시킬 수 있을 것으로 예상된다.

향후에는 제안된 알고리즘에 작업장과 의사결정자의 불확실성 정보를 포함시켜 동적 공정계획 시스템의 현실적인 적용 가능성을 높이는 연구가 필요하다.

참고문헌

1. Van Houten, F. J. A. M., "PART: A Computer Aided Process Planning System," Enschede, pp. 10-13, 1991.
2. Lee, M. S., Rho, H. M. and Kang, M. J., "An Evaluation System of Order Acceptability under Consideration of Machine Loading in a Die Manufacturing," Annals of the CIRP, Vol. 44, No. 1, pp. 413-416, 1995.
3. Wang, E., Kim, Y. S., Lee, C. S. and Rho, H. M., "Feature Based Machining Precedence Reasoning and Sequence Planning," ASME Computers and Engineering conference, pp. 13-16, 1998.
4. Saygin, C. and Kilic, S. E., "Integrating Flexible Process Plans with Scheduling in Flexible Manufacturing Systems," International Journal of Advanced Manufacturing Technology, Vol. 15, No. 4, pp. 268-280, 1999.
5. Park, J. H., Kang, M. H., Lee, D. H. and Rho, H. M., "An Integration of Process Planning and Operations Scheduling by Process Net Model and Genetic Algorithm," Proc. of 31th CIRP International Seminar on Manufacturing Systems, pp. 176-181, 1998.
6. Lee, H. and Kim, S. S., "Integration of Process Planning and Scheduling Using Simulation Based Genetic Algorithms," Advanced Manufacturing Technology, Vol. 18, No. 8, pp. 586-590, 2001.
7. Moon, C., Kim, J. and Hur, S., "Integrated process planning and scheduling with minimizing total

- tardiness in multi-plants supply chain,” *Comput Ind Eng*, Vol. 43, No. 1/2, pp. 331-349, 2002.
8. Zhang, Y., Saravanan, A. and Fuh, J., “Integration of process planning and scheduling by exploring the flexibility of process planning,” *Int. J. Prod. Res.*, Vol. 41, No. 3, pp. 611-628, 2003.
 9. Kummar, M. and Rajotia, S., “Integration of process planning and scheduling in a job shop environment,” *Int. J. Adv. Manuf. Technol.*, Vol. 28, No. 1/2, pp. 109-116, 2006.
 10. Rho, H. M., Park, M. W. and Kim, Y. S., “Development of Feature-based Intelligent Process Planning System,” *Research Report, KIST*, pp. 13-106, 2004.
 11. Kim, Y. K., Shin, K. S. and Kim, J. Y., “A multiobjective evolutionary algorithm for the process planning of flexible manufacturing systems,” *Journal of Korea Operation Research and Management Science*, Vol. 29, No. 2, pp. 77-95, 2004.
 12. Kim, Y. K., Yoon, B. S. and Lee, S. B., “Meta Heuristics,” *YOUNGJI publishers*, pp. 125-150, 1999.
 13. Schaffer, J. D., Caruana, R. A., Eshelman, L. J. and Das, R., “A study of control parameters affecting online performance of genetic algorithm for function optimization,” *Proc. 3rd Int. Conf. on Genetic Algorithms*, pp. 51-60, 1988.
 14. Horn, J., Nafpliotis, N. and Goldberg, D. E., “A niched Pareto genetic Algorithm for multiobjective optimization,” *Proc. of the 1st ICEC*, pp. 82-87, 1994.
 15. Srinivas, N. and Deb, K., “Multi objective Optimization Using Nondominated Sorting in Genetic Algorithms,” *Evolutionary Computation*, Vol. 2, No. 3, pp. 221-248, 1994.
 16. Jensen, M. T., “Reducing the Run-Time Complexity of Multiobjective EAs: The NSGA-II and Other Algorithms,” *IEEE Trans. On Evolutionary Computation*, Vol. 7, No. 5, pp. 503-515, 2003.
 17. Deb, K., Pratap, A., Agarwal, S. and Meyarivan, T., “A Fast and Elitist Multiobjective Genetic Algorithm: NSGA-II,” *IEEE Trans. On Evolutionary Computation*, Vol. 6, No. 2, pp. 182-197, 2002.
 18. Han, J. and Kamber, M., “Data Mining: Concepts and Techniques,” *Morgan Kaufman*, pp. 349-351, 2001.
 19. Choi, H. R., Kim, J. K., Rho, H. M. and Lee, H. C., “Machine load prediction for selecting machines in machining,” *Proceedings of the KSPE Spring Conference*, pp. 997-1000, 2005.