

유전자 알고리즘을 활용한 조선 소조립 공정 일정계획

배희철¹ · 박경철² · 차병철³ · 문일경^{1*}

¹부산대학교 산업공학과 / ²삼성중공업 PI추진TF / ³ETRI 우정기술연구센터

Scheduling of Shipyard Sub-assembly Process using Genetic Algorithms

Hee-Chul Bae¹ · Kyung-Cheol Park² · Byung-Chul Cha³ · Il-Kyeong Moon¹

¹Department of Industrial Engineering, Pusan National University, Busan 609-735

²Samsung Heavy Industries Co., Ltd., Koje, Kyungnam 656-710

³Postal Technology Research Center, ETRI, Daejeon 305-700

In this paper, we consider a scheduling problem of shipyard sub-assembly process. We introduce a skid conveyor system in a shipbuilding company. We develop a mathematical model and a genetic algorithm for shipyard sub-assembly process. The objective of the scheduling is to minimize the makespan which is the final completion time of all jobs. Numerical experiments show that the genetic algorithm performs efficiently.

Keyword: scheduling, mixed integer programming, genetic algorithms, shipbuilding

1. 서 론

조선 산업의 생산 공정을 크게 나누면 선박의 골격을 만드는 선각공정과 선박 내부에 각종 시설 및 설비를 장치하는 의장 공정 및 도장 공정으로 나눌 수 있다. 선각공정은 선박의 골격을 만드는 과정으로 강재가 야적장으로부터 쇼트장으로 운반되어 녹과 스케일을 제거하는 전처리 공정을 거쳐, 제관으로 이동, 절단 및 열처리, 성형 등의 공정을 거친다. 제관 완료부품은 소조립장으로 이동, 조립 후 블록을 만들기 위해 대조립 라인으로 이동된다. 이 블록들은 선행 조립공정을 거친 뒤 몇몇 블록들은 다시 초대형 블록으로 조립된다. 이 블록들과 초대형 블록들은 선행의장과 도장 공정을 거친 후 도크로 운반되어 조립 완성된다. 이후 선박을 진수시켜 시운전 및 인도를 위한 사전준비를 하게 된다.

선박 조립공정의 특징은 다음과 같다. 첫째, 작업 대상과 스

케줄이 자주 변한다. 한대의 대형 선박을 건조할 때 선박의 각 부분별로 각기 달리 설계되며 각 부분들은 작업장별 공정별 다른 작업 스케줄에 따라 작업이 이루어지고, 작업을 시작할 때마다 새로운 작업 스케줄을 생성해야 한다. 둘째, 조립대상의 크기가 크고 조립(용접)작업에 소요되는 시간이 길다. 이러한 이동이 용이하지 않은 작업 대상물들에 대한 작업공간의 효율적인 운영을 위한 계획과 대상물들의 작업 일정 관리는 선박 조립공정에 있어서 매우 중요한 의사결정 요소이다.

조선 산업에서 한정된 작업공간의 효율적인 운영을 위한 공간일정계획 문제는 선박 조립공정의 전 분야에 걸쳐 다양하게 연구되었다. Koh *et al.*(1999)는 곡블록의 조립을 위한 고정정반 작업장의 부하평준화와 공간 활용을 단계적으로 고려한 일정 계획 시스템을 개발하였다. Chung *et al.*(2001)은 블록 도장 공정에 있어서 자원의 제약을 고려한 공간할당 일정계획을 수립하고, 부하평준화를 고려하여 작업팀을 선정하는 통합적인 공간

본 논문은 2006년도 2단계 두뇌한국21사업에 의하여 연구되었음.

*연락처 : 문일경 교수, 609-735 부산광역시 금정구 장전동 산30번지 부산대학교 산업공학과, Fax : 051-512-7603,

E-mail : ikmoon@pusan.ac.kr

2006년 07월 접수, 2회 수정 후 2006년 11월 게재확정.

일정계획 방법론을 제시하였다. 작업 일정계획 문제는 도크에서의 선각 조립 탑재 일정계획, 도크 및 안벽에서의 의장 일정계획, 가공 및 조립공정에 대한 일정계획 등으로 분류될 수 있다. Park *et al.*(1996) 및 Min *et al.*(2005)는 고정정반에서 이루어지는 블록조립에 있어서 각 작업장의 부하를 가능한 평준화 할 수 있도록 선행 계획을 수립하고, 고정정반에서 블록별 모양을 고려하여 실제 배치가 가능한 작업일정계획 시스템을 개발하였다. 본 연구에서는 천장크레인을 이용하는 고정정반에서 작업 대상물의 투입시점 및 작업장내의 배치위치를 결정하는 것이 아니라, skid conveyor system의 이동정반에서 작업 대상물의 투입시점과 투입량을 결정하는 작업일정계획을 수립하는 문제를 다루고자 한다. Min *et al.*(2000)은 선박 건조를 위해 가장 먼저 계획되어야 하는 도크에서의 블록 탑재공정의 일정을 구하는 방법으로 유전자 알고리즘을 이용하였다.

본 연구의 대상이 되는 조선 소조립 공정은 skid conveyor위에서 이루어지는 배재(Array), 취부(Mounting), 용접 1(Welding 1), 용접 2(Welding 2), 사상/이동(Finishing)의 5단계로 이루어져 있다. <그림 1>은 소조립 공정내용 및 각 공정별 작업부하를 간략히 보여주고 있다. skid conveyor를 따라 움직이는 첫 번째 공정인 배재(Array) 단계에서는 base panel 위에 수직으로 용접되는 철판(stiffener)을 정해진 위치에 세운다. 다음으로 취부(Mounting) 단계에서는 세워진 stiffener가 넘어지거나 위치가 변하지 않도록 stiffener와 base panel사이를 임시로 용접하는 가공작업이 이루어진다. 용접 1(Welding 1) 단계에서는 가접된 상태의 stiffener의 위치를 vision sensor로 인식하여 용접 로봇으로 자동화된 용접 작업을 수행하고, 용접 2(Welding 2) 단계에서는 로봇으로 용접할 수 없는 부분이나 주어진 시간 안에 용접하지 못한 부분을 수작업으로 용접한다. 끝으로 사상/이동(Finishing) 단계에서는 용접 이후의 후처리가 이루어진다. 이러한 순차적인 소조립 공정에서 동일 작업 대상물의 공정별 작업소요시간에 차이가 존재하고, 용접 작업장에서 병목(bottleneck)이 많이 발생한다.

S 중공업의 경우 소조립 라인에서의 물류합리화를 위한 방안으로 skid conveyor system을 고안하여 생산에 적용, 흐름의 유연성을 확보하고 작업 라인의 동기화 및 전환의 효율화를 기

하고 있다. skid conveyor system이란 조립 공정에 사용되는 3차원 형상물을 탑재하여 이동할 수 있도록 225개의 파이프로 이루어진 치구를 갖춘 대차를 말하는데, 제관부품 및 소형블록을 조립라인에 흘려주는 방식으로 천장크레인으로 중량물을 운반할 때 야기되었던 물류상의 혼란을 없애고 JIT개념의 Tact time관리가 가능하다. 소조립 공정의 작업 대상물들은 <그림 2>의 skid conveyor system 평면도와 같이 skid conveyor위에 놓인 상태에서 한 방향으로 5단계의 소조립 작업공정을 순차적으로 skid conveyor를 통해 이동하면서 이루어진다.

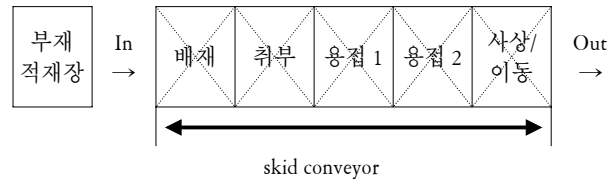


그림 2. skid conveyor layout

본 연구에서 살피고자 하는 대상은 작업 대상물들이 배재(Array), 취부(Mounting), 용접 1(Welding 1), 용접 2(Welding 2), 사상/이동(Finishing) 5단계의 공정을 skid conveyor system을 통해 흘러가는 소조립 공정 작업에 대해서 설비의 투자나 변경 없이 일정한 크기를 가진 skid에 올려질 작업 대상물들의 조합과 이 조합들의 작업 투입 순서를 결정함으로써 최종 작업 완료 시간(Makespan)이 최소가 되는 작업 일정계획을 수립하는 문제를 연구하였다. 일정계획 문제는 일반적으로 NP-hard 문제로 분류되어 현실적인 크기의 문제에 대해 최적해를 얻기가 어렵다(Baker, 1974). 따라서 1980년대 이전에는 주로 발견적 기법을 기반을 둔 방법론들이 현장에서 이용되었다. 컴퓨터 환경의 급속한 발전과 다양한 시스템 모델링 및 지원도구의 활용이 가능해지면서 다양한 최적화 기법들이 현장에서도 이용될 수 있게 되었다(Kim *et al.*, 2001). 본 연구에서는 수리계획법을 이용하여 최적화 모델을 개발하고, 이를 바탕으로 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm: GA)을 적용하여 현실적인 크기의 문제에 효율적으로 최적 및 근사 최적해 찾을 수 있는 알고리즘을 개발하였다.

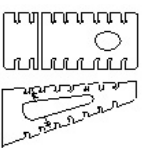
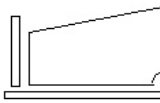
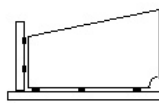
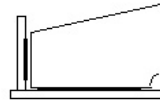
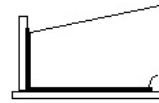
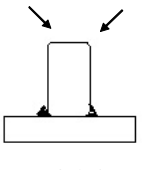






공정	판계/자동	배재	취부	용접 1	용접 2	사상/이동
	 (강판연결)	 (주판+내부재)	 (가접)	 (반자동용접)	 (수정용접)	 (모서리사상)
부하						

그림 1. 소조립 공정

2. 혼합정수계획모형

각각의 작업 대상물들은 배재(Array), 취부(Mounting), 용접 1(Welding 1), 용접 2(Welding 2), 사상/이동(Finishing) 5단계의 공정을 skid conveyor system을 통해 순서대로 흘러가며, skid conveyor의 이동은 동시에 이루어지고 있는 모든 단계의 공정이 완료되어야만 이루어진다. 소조립 공정에 사용되는 각각의 작업 대상물을 module이라고하고, 하나의 skid에 함께 올려질 module들의 조합을 group이라 한다. 따라서 module의 조합인 group의 경우 각 module 면적의 합이 group의 면적이 된다. 또한 하나의 skid는 고정된 일정한 면적을 가지고 있으며, 하나의 skid에 할당된 group의 면적은 skid의 면적을 넘어서는 안 된다.

본 연구 모형에서 이용될 기호들은 다음과 같다.

• 인덱스

- i : module의 번호($i = 1, 2, \dots, I$)
- j : group의 번호($j = 1, 2, \dots, J$)
- k : 작업장의 번호($k = 1, 2, \dots, K$)

• 파라미터

- S : skid의 면적
- s_i : i module의 면적
- p_{ik} : i module의 k 작업장에서의 작업시간(process time)
- M : Big M

• 의사결정변수

- A_j : j group에 할당된 module의 수
- SP_{jk} : j group의 k 작업장에서의 작업시간(group process time)
- ST_{jk} : j group의 k 작업장에서의 작업 시작시간
- $X_{ij} = \begin{cases} 1, & i \text{ module이 } j \text{ group에 할당되면,} \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases}$

본 연구에서는 최종작업의 완료시간이 최소가 되는 혼합정수계획모형(mixed integer programming model)을 이용하여 제시하였다.

$$\text{Min } Z = ST_{JK} + SP_{JK}$$

subject to

$$\sum_{j=1}^J X_{ij} \leq 1, \quad i = 1, 2, \dots, I \quad (1)$$

$$\sum_{i=1}^I X_{ij} \leq A_j, \quad j = 1, 2, \dots, J \quad (2)$$

$$MA_j \geq A_{j+1}, \quad j = 1, 2, \dots, J-1 \quad (3)$$

$$\sum_{i=1}^I s_i X_{ij} \leq S, \quad j = 1, 2, \dots, J \quad (4)$$

$$\sum_{i=1}^I p_{ik} X_{ij} = SP_{jk}, \quad j = 1, 2, \dots, J, k = 1, 2, \dots, K \quad (5)$$

$$ST_{jk} \geq ST_{(j-1)k} + SP_{(j-1)k},$$

$$j = 2, 3, \dots, J, k = 1, 2, \dots, K \quad (6)$$

$$ST_{j(k+1)} \geq ST_{jk} + SP_{jk}, \quad j = 1, 2, \dots, J, k = 1, 2, \dots, K-1 \quad (7)$$

$$ST_{jk} = ST_{(j-1)(k+1)}, \quad j = 2, 3, \dots, J, k = 1, 2, \dots, K-1 \quad (8)$$

목적함수는 마지막 K 작업장에서 마지막 group J 작업의 작업시작 시간을 최소화함으로 최종작업의 작업 완료시간을 최소화하는 것이다. 제약식 (1)은 하나의 module은 하나의 group에만 할당되는 것을 의미한다. 제약식 (2)는 group j 에 몇 개의 module이 할당되었는지를 나타낸다. 제약식 (3)은 module을 group에 할당 시 skid의 면적 제약을 만족하는 범위에서 group 1부터 순차적으로 할당하는 것을 의미한다. 제약식 (4)는 group j 에 할당된 각 i module의 면적의 합은 skid의 면적을 넘지 못한다는 것을 나타낸다. 제약식 (5)는 group j 에 할당된 각 module i 의 k 작업장에서의 작업시간의 합이 group j 의 k 작업장에서의 작업시간이 되는 것을 의미한다. 제약식 (6)은 k 작업장에서는 이전 group의 작업이 완료되어야 다음 group의 작업이 이루어질 수 있음을 나타낸다. 본 모형의 초기조건으로 최초 작업시작시간을 나타내는 1번 group의 1번 작업장에서의 작업시작시간은 $ST_{11}=0$ 이다. 제약식 (7)은 group j 의 작업 대상물이 k 작업장에서의 작업이 완료되어야 group j 의 다음 작업장에서의 작업 시작이 가능하다는 의미를 나타낸다. 제약식 (8)은 skid conveyor를 통해 작업 대상물, group j 가 이동하므로, k 개 작업장에서 동시에 이루어지고 있는 작업이 모두 완료되어야만 k 개 작업장에서 동시에 다음 작업이 시작되는 것을 나타낸다.

3. 유전자 알고리즘

대부분의 최적화 문제들은 탐색영역에 있어서 많은 변수와 비선형성의 복잡한 문제로 구성되어 있어 해를 구하는데 많은 어려움이 있다. 최근 이러한 최적화 문제를 해결하기 위한 방법으로 생물의 진화메커니즘을 이용한 다양한 방법에 관한 연구가 진행되어 왔다. 진화메커니즘을 이용한 방법에는 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm: GA), 유전자 프로그래밍(Genetic Programming: GP), 그리고 진화 프로그래밍(Evolutionary Programming: EP)등이 있다. 이 중에서 유전자 알고리즘은 복잡한 최적화 문제를 해결하는데 있어 일반적으로 많이 이용되는 전역적 최적화 알고리즘으로 알려져 있다(Gen and Cheng, 1997).

본 문제는 전형적인 조합 최적화 문제로 문제의 크기가 커질 때, 문제의 복잡성은 기하급수적으로 증가하는 NP-hard 문제로 최적해를 구하는데 많은 어려움이 있다. 혼합정수계획모형의 방법으로 작은 크기의 문제에 대한 최적해를 구하였다 하더라도 보다 큰 문제에 대해서는 최적해를 찾기 위한 시간적인 제약이 발생하게 된다. 이를 극복하기 위한 대안은 빠른 시간 내에 최적해에 가까운 근사 최적해(near optimum solution)를 구하는 것이라 하겠다. 유전자 알고리즘은 적자생존과 자

연도태의 진화원리를 컴퓨터를 이용해 구현하는 방법으로 확률적인 탐색을 통해 어렵고 복잡한 문제에 대해 빠른 시간 내에 근사 최적해를 제공하는 휴리스틱(heuristic) 방법의 하나이다. 유전자 알고리즘은 복잡한 해 공간(solution space)에서 강력한 탐색능력을 가지고 있으며 일반적으로 적은 시간과 비용이 소요된다는 장점을 가지고 있다. 유전자 알고리즘은 생물학적인 구조의 유전자를 표현하기 위해 이진정수나 실수를 이용하여 문자열을 구성한다. 이를 통해 자연계의 진화과정인 선택(selection), 교차(crossover) 그리고 돌연변이(mutation)에 의해 주어진 문제에 대해 최적점에 근접하는 개체를 반복적으로 생성하여 최적해를 찾아가는 절차를 수행한다. 유전자 알고리즘의 해법절차는 다음과 같다.

3.1 해의 표현 및 초기해

해의 표현(representation)은 해결하고자 하는 문제에 따라 적절하게 염색체(chromosome)를 생성하는 방법으로 문제에 따라 다르게 표현될 수 있다. 본 연구에서는 2개의 염색체를 이용하였는데 첫 번째 염색체의 각 유전자(gene)는 정수(integer string)로 표현되며, 이 정수 값은 각 작업 대상물, 즉 module 번호를 나타내고, 각 정수 값의 염색체에서의 위치는 각 작업 대상물이 작업될 순서를 나타낸다. 두 번째 염색체는 하나의 유전자로 이루어져 있으며 skid의 면적을 나타낸다. 작업 대상물들의 그룹은 두개의 염색체를 동시에 이용하여서 결정하게 된다. 작업순서를 나타내는 염색체의 첫 번째 유전자의 작업 대상물부터 마지막까지 순차적으로 두 번째 염색체의 skid의 면적을 넘지 않도록 순서대로 group을 형성하게 된다. 유전자 알고리즘의 초기해를 구하는 방법은 전체 module의 수만큼 순서대로 각 module의 번호를 염색체 유전자에 할당한다. 두 번째 염색체는 각 module의 면적 중에 가장 큰 값보다는 크고 200m² skid 면적을 넘지 않는 범위에서 임의의 값을 초기해로 이용한다.

$$Max(s_i) \leq S \leq 200$$

본 연구에서 표현하는 염색체(chromosome)는 아래의 <그림 3>과 같으며, 이는 27개의 작업 대상물이 module 1부터 module 27까지 200m² skid 면적을 넘지 않는 범위에서 순서대로 group이 형성되어 group 1번부터 group 5번까지 순서대로 작업에 투입되는 것을 나타낸다.

1	2	26	27	200
G1	G1	G5	G5	

← 각 module별 group 번호

그림 3. 두 개의 염색체(chromosome) 표현

3.2 유전 연산자

3.2.1 선택

선택(selection)은 진화과정에서 중요한 역할을 수행하는 연

산자(operator) 중의 하나이다. 선택은 적합도(fitness value)를 이용하여 다음 세대를 구성하는 염색체들을 모집단에서 선택하는 과정이다. 염색체가 생존할 확률은 적합도에 의해 결정된다. 즉 부모염색체의 적합도에 따라 높은 적합도를 가진 염색체는 다음 세대의 구성에 이용함으로써 우수한 유전자를 선택, 유지하는 역할을 수행한다. 유전자 알고리즘에 일반적으로 이용되는 선택의 연산자는 확률바퀴 선별(roulette wheel selection), 토너먼트 선별(tournament selection), 순위 선별(ranking selection) 등이 있다(Kim *et al.*, 1999). 본 연구에서는 최소화 문제에 적용이 용이한 순위 선별(ranking selection)을 이용하였고 순위 선별은 가장 좋은 개체부터 차례로 순위를 부여하여 그 순서에 따라 선별하는 방법이다.

3.2.2 교차

교차(crossover)는 유전자 알고리즘에서 해를 개선하는 중요한 과정으로 여겨지고 있다. 교차는 더 나은 해를 찾기 위해 두 부모세대 간의 정보를 교환하여 새로운 자식 해를 생성하는 과정이다. 이는 염색체들 간의 유전자 교환을 통해 새로운 염색체를 형성함으로써 보다 나은 적합도를 가진 염색체를 찾는 과정이다. 교차는 같은 길이의 두 염색체를 선택하고 특별한 점에서 교차한다. 일반적으로 이용되는 교차연산자(crossover operator)는 단순교차(simple crossover), 복수점교차(multi-point crossover), 균일교차(uniform crossover) 등이 있고, 본 연구의 문제와 같이 염색체가 순서를 나타내는 경우에 이용되는 교차연산자는 부분 일치 교차(partially matched crossover: PMX), 순서교차(order crossover: OX), 주기교차(cycle crossover: CX) 등이 있다. 본 연구에서는 부모인자들의 상대적 순서를 보존하는 성질이 있는 순서교차 연산자를 이용하였다(Goldberg, 1989). skid의 면적을 나타내는 염색체의 교차는 일반적인 균일교차 연산자를 사용하였다. skid의 면적을 나타내는 염색체는 하나의 유전자로 구성되어 있으므로 그 자체만의 교차는 한세대의 모집단내에서 의미를 가질 수 없지만, 적합도 평가시 작업순서를 나타내는 염색체와 함께 평가되므로 균일교차에 의한 새로운 자손의 생성은 서로 다른 순서를 나타내는 염색체와의 사상을 통해 새로운 해를 생성하게 된다.

3.2.3 돌연변이

돌연변이(mutation)는 해를 개선하는데 있어 교차와 함께 염색체를 재생산하는 중요한 역할을 수행한다. 돌연변이는 부모세대에서 잃어버린 유전형질을 복구하여 유전자의 다양성을 유지하기 위해 사용되며, 이를 통해 탐색공간을 넓히는 역할을 한다(Kim *et al.*, 1999). 돌연변이를 통해 유전자 알고리즘이 국지적인 최적해(local optimal solution)에 빠지거나 열등한 개체 집단으로 조기에 수렴하는 것을 방지할 수 있다. 염색체가 순서를 나타내는 경우에 돌연변이 연산자(mutation operator)는 교환 돌연변이(reciprocal exchange mutation), 삽입 돌연변이(insertion mutation), 역순 돌연변이(inversion mutation), 전위 돌연변이

(displacement mutation) 등이 이용된다. 본 연구에서는 교환 돌연변이가 연산자를 이용하였다. 본 연구에서의 돌연변이 과정은 다음 <그림 4>와 같다. skid의 면적을 나타내는 염색체의 돌연변이는 각 module의 면적 중에 가장 큰 값과 skid의 최대면적 사이의 난수를 발생시켜 선택된 인자를 교체시키는 방법을 사용하였다.

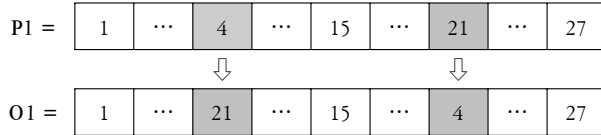


그림 4. 교환 돌연변이 과정

3.3 적합도 평가

적합도 평가(evaluation)는 생성된 개체집단(population)에서 각 염색체의 우수성을 평가하기 위한 수단으로 사용된다. 본 연구에서 사용된 적합도 함수(fitness function)는 아래와 같다.

$$eval(A) = ST_{JK} + SP_{JK}$$

개체집단에서의 각 염색체를 위한 적합도 함수는 제시된 수리계획법에서의 목적함수를 이용하였다. 적합도 함수는 생성된 개체집단의 염색체들이 제시하는 작업 대상물들의 조합과 작업 순서에 따른 최종 작업 완료시간을 평가하기 위한 함수로 이를 통하여 총 작업 완료시간을 최소로 하는 염색체를 찾을 수 있다.

4. 수치실험 및 결과

우선 유전자 알고리즘에서 각 module을 group에 할당하는 방법과 염색체 표현에 따른 적합도를 평가하는 방법을 <표 1>의 작은 크기의 수치예제를 통해서 보이면 다음과 같다.

표 1. Module의 면적 및 각 작업장에서의 작업시간

Module	면적(m ²)	작업 시간(hour)				
		배재	취부	용접 1	용접 2	사상/이동
1	40	1.83	5.87	6.60	6.92	0.14
2	16	0.47	0.56	0.29	1.94	0.93
3	24	0.63	0.74	0.36	2.52	1.19

예를 들어 초기해가 <그림 5>와 같다면, module 1의 면적은 40m²이므로 group 1에 할당(G1 = M1)되고, module 2는 16m²로 module 1과 2의 면적의 합이 50m²보다 큰 56m²이므로 같은 group에 할당될 수 없다. module 2의 면적은 16m²이므로 group 2에 할당(G2 = M2)되고, module 3은 24m²로 module 2, 3의 면적 합이 skid 면적을 나타내는 두 번째 염색체의 50m²보다 작거나

같기 때문에 group 2 하나에 같이 묶이게 된다(G2 = M2, M3).

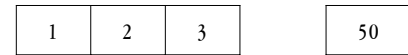


그림 5. 초기해 표현의 염색체(chromosome)

초기해의 염색체 모집단에서 첫 번째 염색체는 순서교차와 교환 돌연변이를 거치고, 두 번째 염색체는 균일교차와 돌연변이를 거쳐 적합도 함수에 따라 평가 받게 된다. 적합도 함수에 따라 선별된 염색체들이 종료조건을 만족할 때까지 다음 세대로 탐색을 계속 진행하게 된다. <표 1>의 예제에 대해 위와 같은 탐색절차를 거쳐 나온 결과 값은 <그림 6>과 같은 염색체로 표현된다. 첫 번째 염색체 유전자의 순서대로 module 2와 module 3이 첫 번째 group 1이 되고(G1 = M2, M3), 나머지 module 1이 group 2가 된다(G2 = M1).

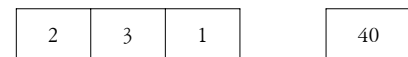


그림 6. GA 결과 값 염색체(chromosome)

<그림 7>의 간트 차트와 같이 먼저 작업에 투입된 G1은 배재 작업을 마치고, 다음단계의 취부작업으로 이동하게 되고, G1의 취부 작업은 G2의 배재 작업과 동시에 시작하고, G1의 용접1 작업은 G2의 취부 작업과 동시에 시작하게 된다. 이러한 경우의 적합도 함수의 값은 두 group의 최종 작업인 G2의 사상/마무리 작업의 시작시간 22.32와 그 작업시간, 0.14의 합인 22.46시간으로 표현된다.

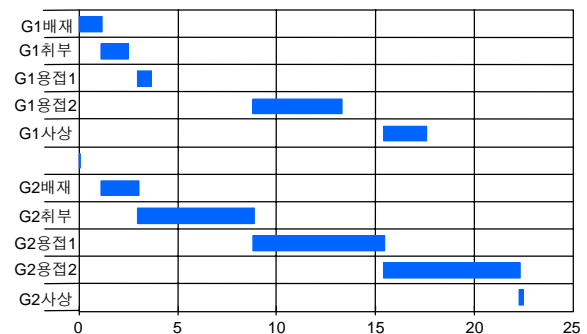


그림 7. 간트 차트

제시된 수리계획법의 유효성과 유전자 알고리즘의 효율성을 검증하기 위하여 실험을 실시하였다. 실험은 작업 module의 수가 다른 두 개의 문제를 이용하였으며, 문제의 data는 각각 <표 2>, <표 3>과 같다. 본 연구에서는 skid conveyor system을 이용하는 5개의 작업장과 각각 10개, 27개 작업 module들의 최종 작업 완료시간 최소화를 위한 작업 일정계획 문제를 실험하였다. 개체집단 크기(population size)는 100, 최대 세대수(max generation) 3000, 교차율(crossover rate) 0.5, 돌연변이율(mutation rate) 0.2의 유전자 알고리즘 parameter들을 사용하였다. 이는 제시

된 수리계획법을 이용하여 유전자 알고리즘 적용의 유효성을 검증하기 위해 다양한 크기의 문제를 구성하여 반복적인 실험을 통해 최적의 실험조건을 구한 것이며 이를 실험에 적용하였다.

표 2. Module 10개의 면적 및 각 작업장에서의 작업시간

Module	면적(m ²)	작업 시간(hour)				
		배재	취부	용접 1	용접 2	사상/이동
1	40	1.83	5.87	6.60	6.92	0.14
2	30	0.90	2.91	3.27	3.44	0.07
3	20	0.18	0.21	0.11	0.73	0.34
4	16	0.47	0.56	0.29	1.94	0.93
5	38	0.93	2.95	3.33	3.49	0.08
6	24	0.63	0.74	0.36	2.52	1.19
7	32	0.15	1.08	0.76	1.52	0.13
8	42	1.43	4.06	3.67	9.32	3.64
9	16	0.34	0.71	0.47	0.95	0.52
10	28	0.10	0.19	0.21	0.44	0.17

표 3. Module 27개의 면적 및 각 작업장에서의 작업시간

Module	면적(m ²)	작업 시간(hour)				
		배재	취부	용접 1	용접 2	사상/이동
1	40	1.83	5.87	6.60	6.92	0.14
2	30	0.90	2.91	3.27	3.44	0.07
3	20	0.18	0.21	0.11	0.73	0.34
4	16	0.47	0.56	0.29	1.94	0.93
5	38	0.93	2.95	3.33	3.49	0.08
6	24	0.63	0.74	0.36	2.52	1.19
7	24	0.63	0.74	0.36	2.52	1.19
8	58	2.56	8.78	6.77	14.27	1.36
9	58	2.56	8.78	6.77	14.27	1.36
10	36	0.59	2.03	1.54	3.25	0.31
11	32	0.15	1.08	0.76	1.52	0.13
12	48	0.59	2.03	1.54	3.25	0.31
13	24	0.15	1.08	0.76	1.52	0.13
14	16	0.34	0.71	0.47	0.95	0.52
15	16	0.34	0.71	0.47	0.95	0.52
16	32	0.58	2.25	1.23	5.86	0.62
17	32	0.53	2.27	1.23	5.84	0.62
18	28	0.10	0.19	0.21	0.44	0.17
19	28	0.10	0.19	0.21	0.44	0.17
20	42	1.43	4.06	3.67	9.32	3.64
21	44	0.83	2.34	2.11	5.36	2.09
22	56	2.58	7.35	6.61	16.83	6.57
23	24	1.30	3.68	3.32	8.44	3.29
24	20	0.10	0.12	0.15	0.30	0.19
25	40	0.82	0.31	2.08	5.29	2.07
26	30	0.82	1.05	1.28	2.57	1.62
27	28	0.39	0.49	0.60	1.20	0.75

Module 10개를 일정계획을 실시하지 않고 module 1부터 차례대로 group 1에서부터 skid 면적(200m²)이 허용하는 범위 내에서 할당하여 작업을 실시하면 총 작업을 완료하는데 69.73시간이 소요된다. 이를 혼합정수계획모형을 이용할 경우 group은 8개가 생성되고 각 group에 할당된 module 면적의 합은 54m²를 넘지 않는다. group 1부터 group 8까지 순차적으로 배재, 취부, 용접 1, 용접 2, 사상/이동 작업공정을 완료할 경우 총 작업시간으로 35.76시간이 요구되며, 이는 일정계획을 실시하지 않을 경우보다 48.72%의 시간을 절약할 수 있다. 동일한 문제에 대해서 유전자 알고리즘 또한 혼합정수계획모형과 동일한 결과인 35.76시간의 최종 작업 완료시간(Makespan)을 나타낸다. 혼합정수계획모형과 유전자 알고리즘의 실험 결과는 형성된 group 5, 6에 module 2, 5의 할당에서 차이를 보인다. 이러한 차이는 혼합정수계획모형은 최종 작업 완료시간(Makespan) 최소화가 목적인데 반해서, 유전자 알고리즘은 두 개의 염색체를 이용해 최종 작업 완료시간(Makespan)과 skid 할당면적을 동시에 최소화하기 때문에 동일한 작업 완료시간에 대한 다수 최적해들 중에서 skid 면적이 최소가 되는 해를 찾아 준다. 혼합정수계획모형의 경우 PentiumⅢ 1.0G 컴퓨터에서 계산시간이 1분 정도 소요되었으며, 유전자 알고리즘의 경우 동일한 컴퓨터에서 약 10초 미만의 계산시간이 요구되었다. <표 4>는 이러한 결과를 요약하여 나타낸 것이다.

표 4. 작업장 5개, module 10개 data의 실험 결과 비교

	생성 group 및 작업순서	Makespan (hour)	Skid 할당 면적(m ²)	Time Saving
Without scheduling	G1 = M1~M7 G2 = M8~M10	69.73	200	0%
MIP Model	G1 = M10 G2 = M3 G3 = M7 G4 = M6, M9 G5 = M2 G6 = M4, M5 G7 = M8 G8 = M1	35.76	54	48.72%
GA	G1 = M10 G2 = M3 G3 = M7 G4 = M6, M9 G5 = M5 G6 = M4, M2 G7 = M8 G8 = M1	35.76	46	48.72%

Module 27개의 data에 대해서도 module 10개의 경우와 마찬가지로 일정계획을 하지 않을 경우 168.02시간, 유전자 알고리즘을 이용한 경우 120.48시간으로 28.29% 시간을 줄일 수 있었다. 유전자 알고리즘 결과를 좀 더 살펴보면 skid당 면적이

75m²이하로 할당되며 module 27개의 조합으로 15개의 group이 생성되었다. <표 5>는 module 27개에 대한 유전자 알고리즘 실험결과를 보여준다.

표 5. 작업장 5개, module 27개 data의 실험 결과 비교

	생성 group 및 작업순서	Makespan (hour)	Skid 할당 면적(m ²)	Time Saving
Without scheduling	G1 = M1~M7 G2 = M8~M11 G3 = M12~M18 G4 = M19~M24 G5 = M25~M27	168.02	200	0%
GA	G1 = M4, M18 G2 = M25 G3 = M10 G4 = M12, M24 G5 = M11, M6, M14 G6 = M17, M24, M3 G7 = M26, M7 G8 = M16, M20 G9 = M15, M19, M23 G10 = M22 G11 = M8 G12 = M2, M1 G13 = M9 G14 = M27, M5 G15 = M13	120.48	75	28.29%

Module 27개 data에 대해 유전자 알고리즘 실험 시 개체집단의 크기(pop size)와 최대 세대수(max gene)를 변화시켜가며 실험해 보았다. <표 6>은 실험된 결과를 정리하여 나타낸 것으로 문제 별 주어진 parameter값에 대해 각 10번씩의 반복 실험결과 얻어진 유전자 알고리즘 값의 best, worst, average값을 나타낸다. 각 반복 실험에 PentiumIII 1.0G 컴퓨터에서 약 30초 미만의 계산시간이 요구되었다. 이 실험을 통하여 본 연구에서 제시한 유전자 알고리즘이 보다 복잡하고 현실적인 문제에도 적용될 수 있음을 보여준다.

표 6. Parameter 변화에 따른 유전자 알고리즘 적용 결과 비교

Problem	Pop size	Max gene	Best	Worst	Average
1	100	4000	120.48	122.98	122.04
2	100	3000	120.53	123.95	122.26
3	75	2500	121.82	126.79	123.36
4	50	2000	121.42	125.13	123.49

5. 결론 및 추후 연구

본 연구는 소조립 skid 공정의 작업일정계획에 관한 연구로써 본 연구의 목적은 중량물의 다양한 작업 대상물이 존재하는 조선 소조립 공정의 skid conveyor system에서 유전자 알고리즘을 이용하여 최종 작업 완료시간 최소화를 위한 일정계획을 수립하는 것이다. 본 연구에서는 유전자 알고리즘의 유효성을 알아보기 위해 혼합정수계획 모델을 제시하였고 module 10개의 작은 크기의 문제에 대해 제시한 수리계획법과 유전자 알고리즘이 동일한 일정계획 결과를 얻을 수 있음을 보였다. 보다 복잡한 문제에 대해 유전자 알고리즘을 이용하여 실험한 결과 제시한 유전자 알고리즘의 시간 효율성을 알 수 있었고, 현실에서의 복잡한 문제에도 유전자 알고리즘이 적용될 수 있음을 보여준다. 추후 연구 과제로는 고정정반의 특수한 형태인 skid conveyor에서 이루어지는 조립계획은 작업 대상물의 기하학적인 형태에 따라 skid conveyor위에 실제로 배치, 작업이 가능해야 한다. 이를 위해 작업 대상물의 그룹을 결정시 skid conveyor의 한정적인 공간위에 각 대상물의 기하학적 형태를 고려한 통합적인 일정계획 방법론이 연구되어야 할 것으로 보인다.

참고문헌

- Baker, K. R. (1974), *Introduction to Sequencing and Scheduling*, Addison-Wesley, MA.
- Chung, K. H., Baek, T. H., Min, S. G., Kim, H. S., Park, J. C., Cho, K. K. and Park, C. K. (2001), Development of the spatial scheduling system and its applications in shipbuilding industry, *IE Interfaces*, 14(4), 394-402.
- Gen, M. and Cheng, R. (1997), *Genetic Algorithms and Engineering Design*, Wiley-Interscience, New York.
- Goldberg, D. E. (1989), *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley, New York.
- Kim, Y., Yun, B. and Lee, S. (1999), *Meta Heuristic*, Youngji Publishers.
- Kim, K. D., Woo, S. B. and Hahn, H. S. (2001), A study on the erection scheduling for shipbuilding considering resource constraints, *IE Interfaces*, 14(3), 218-226.
- Koh, S. G., Park, J. C., Choi, Y. S. and Joo, C. M. (1999), Development of a block assembly scheduling system for shipbuilding company, *IE Interfaces*, 12(4), 586-594.
- Min, S. G., Moon, C. U., Lee, M. W., Chung, K. H. and Park, J. C. (2000), A genetic algorithm application for the load balancing of ship erection process, *IE Interfaces*, 13(2), 225-233.
- Min, S. G., Lee, S. H., Kim, J. O., Ha, S. J. and Choi, T. H. (2005), A case study for development of the block arrangement on fixed area and scheduling system, *Special issue of the Society of Naval Architect of Korea*, 1, 159-164.
- Park, K., Lee, K., Park, S. and Kim, S. (1996), Modeling and solving the spatial block scheduling problem in a shipbuilding company, *Computers and Industrial Engineering*, 30(3), 357-364.

**배희철**

한국해양대학교 물류시스템공학 학사
 부산대학교 산업공학 석사
 현재: 부산대학교 산업공학과 박사과정
 관심분야: 생산일정계획 및 재고관리

**차병철**

부산대학교 산업공학 학사
 부산대학교 산업공학 석사
 부산대학교 산업공학 박사
 현재: ETRI 우정기술연구센터 선임연구원
 관심분야: Supply Chain Management, 시스템 분석 및 설계

**박경철**

부산대학교 정밀기계공학 학사
 부산대학교 정밀기계공학 석사
 부산대학교 산업공학과 박사과정
 현재: 삼성중공업 PI추진TF 차장
 관심분야: Scheduling, TOC

**문일경**

서울대학교 산업공학 학사
 서울대학교 산업공학 석사
 Columbia대학교 산업공학 박사
 현재: 부산대학교 산업공학과 교수, 공장관리 기술사
 관심분야: Supply Chain Management, Reverse Logistics, 시뮬레이션