

다계층 공생 진화알고리즘을 이용한 공급사슬경영의 생산과 분배의 통합계획*

김여근** · 민유종***

An Integrated Planning of Production and Distribution in Supply Chain Management using a Multi-Level Symbiotic Evolutionary Algorithm*

Yeo Keun Kim** · Yu Jong Min***

■ Abstract ■

This paper presents a new evolutionary algorithm to solve complex multi-level integration problems, which is called multi-level symbiotic evolutionary algorithm (MEA). The MEA uses an efficient feedback mechanism to flow evolution information between and within levels, to enhance parallel search capability, and to improve convergence speed and population diversity. To show the MEA's applicability, it is applied to the integrated planning of production and distribution in supply chain management. The encoding and decoding methods are devised for the integrated problem. A set of experiments has been carried out, and the results are reported. The superiority of the algorithm's performance is demonstrated through experiments.

Keyword : Multi-Level Integration, Symbiotic Evolutionary Algorithm, Supply Chain Management, Production Planning, Distribution Planning

논문접수일 : 2003년 1월 7일 논문게재확정일 : 2003년 3월 5일

* 본 연구는 한국과학재단 지역대학우수과학자지원연구(R05-2002-000-00474-0)지원으로 수행되었음.

** 전남대학교 산업공학과 교수

*** 한국 원자력 연구소 연구원

1. 서 론

공생 진화알고리즘(symbiotic evolutionary algorithm)은 생물계에서 공생(symbiosis) 관계를 갖는 서로 다른 종들이 상호작용하고 상호적응하며, 공진화하는 과정을 모방한 확률적 탐색기법이다 [16]. 공생 진화알고리즘에서는 공생관계를 갖는 여러 종들이 각각 모집단을 구성하고, 각 모집단은 다른 모집단과 상호적응해 나간다. 이때 각 모집단은 해결하고자 하는 하나의 완전한 문제에 대한 부분문제를 표현한다. 기존 연구에서 발표되었던 다양한 형태의 공생 진화알고리즘들[10, 12, 13, 16]은 관련성을 갖는 여러 부분문제를 통합적으로 해결하는데 좋은 방법론이었다. 실세계에 존재하는 많은 통합문제는 다계층 구조(multi-level structure)를 갖는다. 즉, 해결하고자 하는 문제들은 부분문제가 복수개 존재하고, 상위 계층에 있는 부분문제는 자신을 이루는 하위 계층의 여러 부분문제로 구성된다. 또한 각 가지(branch)의 깊이가 다르거나, 어떤 계층을 이루는 하위 부분문제의 수와 이들의 복잡도가 다를 수 있다. 그러나 기존의 공생 진화알고리즘들은 하나의 동일한 계층에 있는 여러 부분문제들의 통합적 해결에만 적용될 수 있다. 따라서, 알고리즘의 적용을 위하여 대상이 되는 통합문제가 갖는 문제 구조의 변형이 요구된다.

본 연구에서는 상호관련성을 갖는 여러 부분문제가 다계층 구조로 이루어진 통합문제를 해결할 수 있는 다계층 공생 진화알고리즘(multi-level symbiotic evolutionary algorithm : MEA)을 개발하고, 그 적용성을 보이하고자 한다. 다계층 공생 진화알고리즘은 기존 공생 진화알고리즘들 중에서 탐색능력이 우수하다고 알려져 있는 내공생(endosymbiotic) 진화알고리즘[10]을 기본 프레임으로 사용하고, 여기에 다계층 구조의 특성을 반영할 수 있도록 설계한다. 그리고 개발한 알고리즘의 적용성은 공급사슬경영(supply chain management : SCM)의 생산계획(production planning)과 분배계획(distribution planning)의 통합문제를 통하여 보

이고자 한다.

SCM은 원료로부터 고객에 이르기까지의 전 과정을 공급사슬이라고 하며, 각 부문들 사이의 물류, 정보, 자금의 흐름을 총체적으로 관리하여 공급사슬의 효율을 증대시키는 전략이다[18]. SCM의 계획 및 운영은 크게 생산, 구매, 일정계획, 분배, 재고, 네트워크설계, 위치/할당, 물류문제 등으로 분류할 수 있으며 이러한 요소들의 통합 및 조정에 관한 연구가 활발하게 진행되어지고 있다[3, 9, 18]. SCM은 그 용어에서도 알 수 있듯이, 다계층 구조로 모형화될 수 있는 상호 관련된 여러 부분문제가 존재하고, 이들을 전체의 관점에서 다루어야 한다는 개념을 내포하고 있다. 본 연구에서는 SCM에서 핵심이 되는 제조 의사결정문제들인 생산계획과 분배계획의 통합문제를 대상으로 하여 개발한 알고리즘의 적용성을 보인다. 생산계획문제는 수요를 만족시키기 위해 각 제품을 언제 어떤 공장에서 얼마만큼 생산할 것인지를 결정하는 문제이고, 분배계획문제는 공장에서 고객까지의 제품 배달경로를 결정하는 문제이다[20]. 이들 두 문제는 상호 관련되어 있으므로, 통합적으로 동시에 다루어져야 한다. SCM에서 생산과 분배를 통합적으로 다루려는 여러 연구들이 있었다. 그러나, 기존 연구들에서는 SCM의 생산계획과 분배계획의 통합문제를 다계층 구조로 모형화하여 해결하지 않았으며, 문제의 복잡도를 증가시키지 않기 위해 많은 상황들을 가정이나 제약으로 처리하였다. 구체적인 연구현황은 다음 절에서 설명하기로 한다.

SCM의 생산계획과 분배계획의 통합문제를 해결하는데 MEA의 기법을 사용함으로써 기존 연구들에서 효율적으로 고려하지 못했던 제약, 인도기간, 생산준비비용 등의 문제상황을 고려할 수 있게 한다. 이와 함께, 본 연구에서는 SCM의 생산계획과 분배계획에 적합한 유전요소 및 개체해석 방법을 개발한다. MEA의 성능은 컴퓨터 모의실험을 통하여 혼합정수계획모형에 의해 구한 최적해 및 기존 진화알고리즘들에 의해 구한 근사최적해와 비교하여 분석한다. 이를 위하여, 다양한 형태의 실

험문제를 생성하였다.

2. SCM의 생산계획과 분배계획

2.1 관련연구현황

앞에서도 언급하였듯이, SCM의 생산계획과 분배계획을 통합적으로 해결하려는 여러 연구들이 있었다[5, 6, 14, 19]. 그러나 Bylka[5]는 단일 제품의 통합문제를, Cohen and Moon[6]은 단일 기간의 경우만을, Mohamed[14]는 단일 단계(multi-vendor, multi-buyer)로 이루어진 문제를 다루고 있다. 그리고 여러 연구[2, 7]에서는 공장의 생산능력 제약과 각 계층에서의 운송능력 제약을 고려하지 않고 있다. 본 연구에서는 좀더 현실적이고 복잡한 상황을 고려하기 위하여 원료공급지, 공장, 분배센터로 구성된 공급사슬구조에서 다 기간(multi-period)동안 다 제품(multi-product)을 생산하고 분배하는 문제를 다룬다. 이때, 공장의 생산능력과 원료 공급능력 제약이 있다고 가정한다.

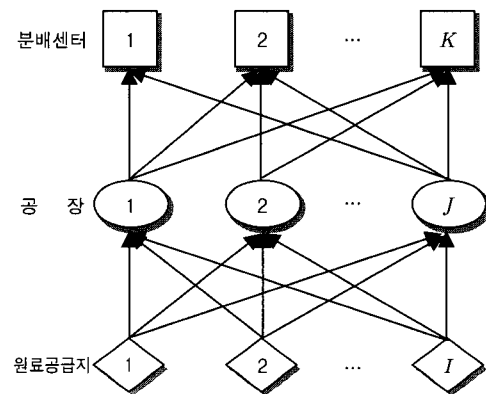
SCM에서 생산계획과 분배계획의 통합에는 흔히 혼합정수계획모형이 사용되기도 한다[8, 15, 19]. 그러나, 문제의 크기가 커지면 변수와 제약식이 매우 많아져서 수리모형에 의해 최적해를 구하는 것이 불가능해진다[4]. 따라서, 각 사슬에 따라 단계별로 수리모형 또는 발견적 기법에 기초한 다단계 기법이 개발되었다[8, 9, 15]. 그러나 다단계 기법은 통합적으로 동시에 해공간을 탐색하지 않기 때문에, 좋은 해를 찾는 데 한계를 갖는다.

최근, SCM에 진화알고리즘을 적용한 연구들이 행하여 졌다[2, 7, 17]. 이들 연구에서는 하나의 개체에 공급사슬에서 결정해야 하는 여러 결정변수를 표현하고 있다. 즉, 다계층의 통합이라는 문제 구조를 단일 계층의 단일문제로 변형하였다. 이들 변수는 속성이 다르고 상호 관련되어 있으므로, 이러한 개체표현 방법은 넓은 해공간을 효율적으로 탐색하는데는 한계가 있다. 통합문제에 대한 적용의 우수성을 갖는 공생 진화알고리즘을 이용하여 SCM의

생산계획과 분배계획을 동시에 해결한 연구는 아직까지 이루어지지 않았고, 여러 부분문제들이 계층구조를 갖는 통합문제에 적합한 공생 진화알고리즘의 개발에 대한 연구들도 아직 미흡하다.

2.2 문제정의 및 수리모형

본 연구에서는 [그림 1]과 같은 SCM 문제를 다룬다. 이를 위한 가정은 다음과 같이 둔다. 복수개의 원료공급지에서 복수개의 공장으로 원료를 공급하고, 각 공장에서는 생산한 여러 종류의 제품들을 복수개의 분배센터에 공급한다. 여기서, 분배센터는 완제품을 공장에서 고객에게 공급하는 중간 물류센터를 의미하고, 분배센터에서 각 기간마다 각 제품에 대한 수요는 주어져 있다고 본다. 각 공장은 다 제품을 생산할 수 있으나, 전체 제품에 대한 생산용량제약이 있다. 원료공급지에서도 각 공장에 대한 공급량에 한계가 있다고 본다. 그리고 공장이 원료공급지로부터 재료를 공급받거나 분배센터가 공장으로부터 제품을 인도받는 데는 한 기간의 인도기간(lead time)이 요구된다고 가정한다.



[그림 1] 공급사슬의 구조

본 연구의 목적은 이와 같은 상황아래서 생산비용, 생산준비비용, 재고비용 그리고 원료공급지와 공장간, 공장과 분배센터간 운송비용의 총합을 최소로 하는 다 기간의 생산계획과 분배계획을 동시에 수립하는 것이다. 이를 수리 모형화하면 아래와

같다.

• 첨자 및 기호

i : 원료공급지 ($i = 1, 2, \dots, I$)

j : 공장 ($j = 1, 2, \dots, J$)

k : 분배센터 ($k = 1, 2, \dots, K$)

p : 제품 ($p = 1, 2, \dots, P$)

t : 시간 ($t = 1, 2, \dots, T$)

• 결정변수

X_{pjt} : 시간 t 에 공장 j 에서 제품 p 의 생산량

Y_{pjt} : 시간 t 에 공장 j 에서 제품 p 의 재고량

Q_{pikt} : 시간 t 에 공장 j 에서 분배센터 k 로 제품 p 의 공급량

W_{pijt} : 시간 t 에 원료공급지 i 에서 공장 j 로 제품 p 의 원료공급량

Z_{pjt} : 시간 t 공장 j 에서 제품 p 의 생산이 발생하면 1, 그렇지 않으면 0

• 입력자료

D_{pkt} : 시간 t 에 분배센터 k 에서 제품 p 의 수요

M_j : 단위 기간당 공장 j 의 생산능력

F_{pij} : 단위 기간당 원료공급지 i 에서 공장 j 로 제품 p 의 원료 공급능력

G_{pj} : 공장 j 에서 제품 p 의 단위당 생산비용

S_{pj} : 공장 j 에서 제품 p 의 생산준비비용

H_{pj} : 공장 j 에서 제품 p 의 단위당 재고 유지비용

C_{pik} : 공장 j 에서 분배센터 k 로 제품 p 의 단위당 운송비용

I_{pij} : 원료공급지 i 에서 공장 j 로 제품 p 의 단위당 원료 공급비용

$$\begin{aligned} \text{Min. TotalCost} = & \sum_{p,j,t} G_{pj} X_{pjt} + \sum_{p,j,t} S_{pj} Z_{pjt} \\ & + \sum_{p,j,t} H_{pj} Y_{pjt} + \sum_{p,j,k,t} C_{pik} Q_{pikt} \\ & + \sum_{p,i,j,t} I_{pij} W_{pijt} \end{aligned} \quad (1)$$

Subject to

$$\sum_k Q_{pikt} - Y_{pj,t-2} - X_{pj,t-1} + Y_{pj,t-1} = 0 \quad \forall p, j, t \quad (2)$$

$$\sum_j Q_{pik,t-1} = D_{pkt} \quad \forall p, k, t \quad (3)$$

$$\sum_i Q_{pij,t-1} - X_{pjt} = 0 \quad \forall p, j, t \quad (4)$$

$$\sum_p X_{pjt} \leq M_j \quad \forall j, t \quad (5)$$

$$W_{pijt} \leq F_{pij} \quad \forall p, i, j, t \quad (6)$$

$$X_{pjt} - \alpha X_{pj,t-1} - \alpha Z_{pjt} \leq 0 \quad \forall p, j, t \quad (7)$$

$$X_{pjt}, Q_{pikt}, W_{pijt}, Y_{pjt} \geq 0 \quad \forall p, i, j, k, t \quad (8)$$

$$Z_{pjt} \in \{0, 1\} \quad \forall p, j, t \quad (9)$$

$$\alpha \text{는 아주 큰 수, } X_{pj,0} = 0, Y_{pj,0} = 0, Y_{pj,-1} = 0 \quad (10)$$

식 (1)은 목적함수로 앞에서 언급한 비용들의 합을 최소화 한다. 식 (2)는 각 분배센터의 주문량을 공장에서의 생산량과 재고량에 의해 만족해야 함을 보여주는 관계식이다. 식 (3)은 분배센터의 수요량과 공장으로부터의 공급량을 같게 한다. 식 (4)는 공장에서의 생산량은 원료공급지에서 공장에서의 원료의 공급량과 일치함을 나타낸다. 식 (5)와 식 (6)은 공장의 생산능력제약과 원료공급지의 원료공급능력 제약이다. 식 (7)은 공장에서의 생산에 대한 준비비용과 관련된 관계식이다. 공장 j 에서 제품 p 를 시간 $t-1$ 에 생산하지 않고 시간 t 에 생산하면, 준비비용 S_{jp} 가 요구된다고 본다. 식 (8)과 식 (9)는 각 결정변수의 비음조건과 이진 정수 조건이다. 식 (10)은 수리모형을 위한 상수와 초기값을 정의한 것이다.

3. SCM의 생산과 분배계획을 위한 다계층 공생 진화알고리즘

3.1 알고리즘의 개념

SCM의 생산과 분배의 통합계획문제는 [그림 2]와 같은 3계층 구조의 관계로 볼 수 있다. 생산과 분배가 통합된 전체문제는 가장 상위인 계층 3에

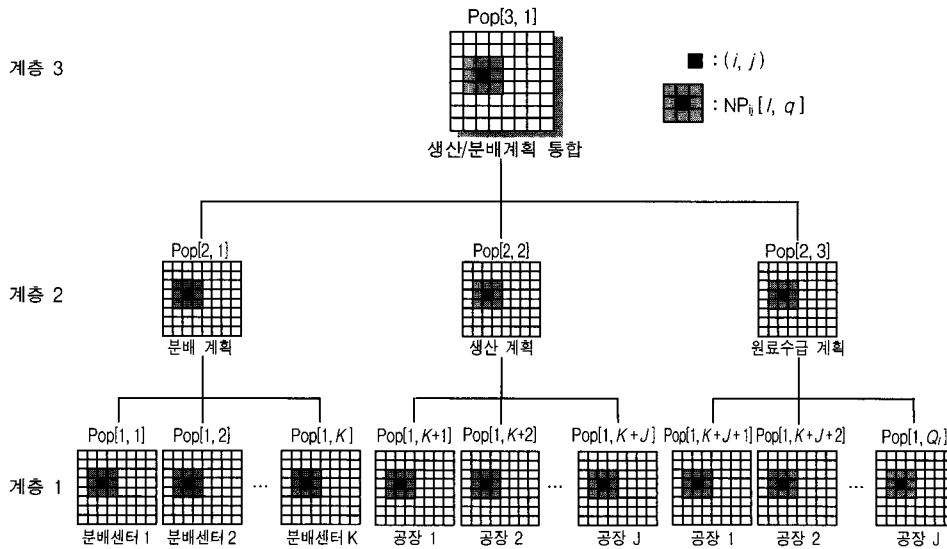
위치하고, 이를 구성하는 부분문제인 분배계획문제, 생산계획문제, 그리고 생산계획을 결정하기 위한 원료수급계획 문제는 계층 2에 둔다. 마지막으로, 각각 3개의 부분문제에 대한 하위문제는 계층 1에 위치한다. 각 부분문제의 하위문제는 다음과 같이 정의될 수 있다.

분배계획문제는 수요를 만족시키기 위하여 K 개의 분배센터마다 각 기간에 각 제품을 어느 공장에서 공급받을 것인가를 결정하는 문제이다. 이 문제는 K 개의 하위문제로 구성할 수 있다. 따라서, 각 분배센터($k = 1, 2, \dots, K$)에 대한 수급계획을 나타내는 문제를 그 하위문제로 계층 1에 둔다. 생산계획문제는 분배센터의 수요를 만족시키기 위하여 J 개의 공장에서 각 제품을 언제 얼마나 생산할 것인가를 결정하는 것이다. 이 문제는 각 공장의 생산계획을 하위문제로 두면, J 개의 하위문제를 갖는다. 원료수급계획문제는 원료공급지의 관점이 아니라 공장의 관점에서, 각 공장마다 어느 원료공급지로부터 언제 얼마의 원료를 공급받을 것인가를 결정하는 문제이다. 따라서 각 공장의 원료수급계획을 하위문제로 구성한다. 따라서 이 문제의 하위문제는 J 개가 된다.

MEA는 [그림 2]에서 보는 바와 같이 토리스 형태의 2차원 정방형 격자구조를 갖는 모집단에서 운영된다. $Pop[l, q]$, $l = 1, 2, 3$, $q = 1, 2, \dots, Q_l$ 은 계층 l 의 q 번째 모집단, $NP_{ij}[l, q]$ 은 $Pop[l, q]$ 에서 위치 (i, j) 와 그 주위 8개의 개체로 구성된 (3×3) 의 이웃으로 정의한다. 또한, $Pop[l, q]$ 의 직하위 모집단의 집합을 $Set_ImL(Pop[l, q])$, 직상위 모집단을 $ImH(Pop[l, q])$ 라고 정의한다. 예를 들어, [그림 2]에서 $Set_ImL(Pop[2, 1]) = \{Pop[1, 1], Pop[1, 2], \dots, Pop[1, K]\}$ 이고, $ImH(Pop[1, 1]) = Pop[2, 1]$ 이다.

제한한 MEA는 몇가지 특징적인 전략들을 갖는다. 이들 전략들은 여러 계층을 갖는 부분문제들의 통합에 있어 전체 진화과정이 효율적으로 운영될 수 있도록 하며, 진화연산의 측면에서 좋은 탐색성을 갖도록 하기 위하여 설계한 것이다.

첫째, 상위계층에 있는 모집단의 개체는 그 직하위 모집단들에 있는 개체들을 결합한 형태로 표현한다. 이는 유전적 특성이 다른 염색체를 하나의 개체에 표현하는 다중 염색체(multi-chromosome) 표현이라고 볼 수 있으며, 또한 공생자(symbiont)들이 결합한 상태로 생존하는 내공생자(endosym-



[그림 2] SCM의 생산과 분배의 통합문제구조

biont)의 관계를 갖는 것과 같다. 이러한 개체 표현은 내공생 진화알고리즘[10]에서 사용한 표현방법을 채용한 것이다. 둘째, 모집단의 다양성 유지를 위하여 이웃진화전략을 사용한다. 이웃단위의 진화 전략은 다양한 좋은 개체들이 적소(niche)를 형성하도록 하여, 해의 조기 수렴을 방지할 뿐만 아니라 해 공간의 효율적 탐색을 가능케 한다고 알려져 있다[12]. 셋째, 계층 1과 계층 2를 구성하는 개체의 적응도는 자신이 포함된 계층의 다른 모집단의 개체들과 결합하여 평가한다. 개체의 적응도 평가에 참여하는 다른 모집단의 개체를 공생파트너(symbiotic partner)라고 부른다[1]. 공생파트너 선택은 상대모집단의 이웃에서 임의로 한 개체를 선택하는 전략을 사용하였다. 단, 계층 3은 하나의 모집단을 이루며, 이 모집단의 개체들은 모든 하위 모집단의 개체들의 서로 결합되어 완전한 해를 표현하므로 공생파트너없이 각 개체들은 독립적으로 적응도를 평가할 수 있다. 넷째, 계층 1과 계층 2의 개체들은 각각 계층 2와 계층 3의 개체들과 적응도를 기준으로 상호작용한다. 이 과정은 다음과 같다. 이웃 $NP_{ij}[l, q]$ 의 적응도 평가 과정에서 발견된 가장 높은 적응도를 갖는 개체 결합을 잠재(potential) 내공생자로 형성한다. 잠재 내공생자는 PE_{lq} 라고 표현하며, $f(PE_{lq})$ 는 PE_{lq} 의 적응도를 나타낸다. 또한, $ImH(NP_{ij}[l, q])$ 에서 가장 낮은 적응도를 갖는 개체를 E_{old} 라 하자. 만약, $f(PE_{lq}) > f(E_{old})$ 이면, PE_{lq} 의 염색체중 $ImH(NP_{ij}[l, q])$ 에 대응하는 부분을 복사하여 E_{old} 의 위치에 삽입한다. 조건이 만족되지 않으면, 이 과정은 일어나지 않고, 잠재 내공생자를 구성하는 개체들은 분리된 상태로 현재의 위치에 생존한다.

3.2 알고리즘의 절차

MEA는 최상위 계층을 제외한 다른 계층 내에서는 공생진화를 하고, 계층간에는 내공생진화를 한다. 이는 공생진화가 병렬탐색을 강화하고, 내공생진화는 해의 수렴성을 높여주는 이들 두 효과[10,

12]를 적절히 결합하고자 함이다. 그러므로 MEA는 기존의 공생 진화알고리즘에 계층의 확장과 계층간의 상호작용을 함께 고려한 모형으로 볼 수 있다. MEA의 절차는 아래와 같다.

단계 1 : 초기화 및 초기 적응도 평가

각 계층에 있는 모든 모집단을 초기화한다. 개체의 초기 적응도는 각 계층별로 모집단의 같은 위치에 있는 개체들을 서로 짝지어 평가하고, 가장 높은 적응도를 f_{best} 로 둔다.

단계 2 : 이웃 설정

임의의 위치 (i, j) 를 선택하고, $NP_{ij}[l, q]$, $l = 1, 2, 3$, $q = 1, 2, \dots, Q_l$ 를 설정한다.

단계 3 : 적응도평가 및 계층간 상호작용

단계 3.1 : $l = 1$, $q = 1$ 로 설정한다.

단계 3.2 : $l < 3$ 이면, $NP_{ij}[l, q]$ 개체들의 적응도를 평가한다. 이를 위한 공생파트너는 각 $NP_{ij}[l, q']$, $q' = 1, 2, \dots, Q_l$, $q' \neq q$ 에서 임의로 선택한다. 이 과정에서 얻은 가장 높은 적응도를 갖는 잠재내공생자를 PE_{lq} 로 둔다. $f(PE_{lq})$ 가 f_{best} 보다 높으면 f_{best} 를 갱신하고, 단계 3.3으로 간다. 만약, $l = 3$ 이면, $NP_{ij}[3, 1]$ 개체들의 적응도를 평가하고, 단계 4로 간다.

단계 3.3 : $ImH(NP_{ij}[l, q])$ 에서 가장 낮은 적응도를 갖는 개체를 E_{old} 라 하자. 만약, $f(PE_{lq}) > f(E_{old})$ 이면, PE_{lq} 의 염색체중 $ImH(NP_{ij}[l, q])$ 에 대응하는 부분을 복사하여 E_{old} 의 위치에 삽입한다.

단계 3.4 : $q \leftarrow q + 1$ 로 둔다. 만약, $q \leq Q_l$ 이면 단계 3.2로 간다.

단계 3.5 : $l \leftarrow l + 1$ 로 둔다. 만약, $l \leq 3$ 이면 $q = 1$ 로 하고, 단계 3.2로 간다.

단계 4 : 이웃의 진화

단계 4.1 : $l = 1$, $q = 1$ 로 설정한다.

단계 4.2 : $NP_{ij}[l, q]$ 에서 적응도를 기준으로 두 부모개체를 선택하여 교차한 후, 두

자손개체를 생산한다.

단계 4.3 : $NP_{ij}[l, q]$ 에서 낮은 적응도를 갖는 두 개체를 선택하여 단계 4.2에서 생산한 자손개체와 대체한다.

단계 4.4 : $NP_{ij}[l, q]$ 의 개체들에 대하여 돌연변이율에 따라 돌연변이시킨다.

단계 4.5 : $q \leftarrow q + 1$ 로 둔다. 만약, $q \leq Q_l$ 이면 단계 4.2로 간다.

단계 4.6 : $l \leftarrow l + 1$ 로 둔다. 만약, $l \leq 3$ 이면 $q = 1$ 로 하고, 단계 4.2로 간다.

단계 5 : 종료여부판단

종료조건을 만족하면 알고리즘을 종료하고, 그렇지 않으면 단계 2로 간다.

단계 1에서 이루어지는 모집단의 초기화는 모집단이 위치한 계층에 따라 방법에 차이가 있다. 먼저, 계층 1에 존재하는 모집단 $Pop[1, q]$, $q = 1, 2, \dots, Q_1$ 에 대해서는 모집단의 모든 셀에 임의로 초기해를 생성한다. 계층 2와 계층 3의 모든 모집단, 즉 $Pop[l, q]$, $l = 2, 3, q = 1, 2, \dots, Q_l$ 의 각 개체는 $Set_ImL(Pop[l, q])$ 에 있는 개체를 결합한 형태의 새로운 개체를 생성한다. 그리고 개체들의 초기 적응도는 같은 계층에 있는 모집단의 같은 위치에 있는 개체들을 공생파트너로 하여 평가한다. 단계 2는 진화의 대상이 되는 이웃을 설정하는 단계이다.

단계 3은 개체의 적응도를 평가하고, 계층간 상호작용을 하는 단계이다. 단계 3.2에서는 공생에 의해 적응도가 평가된다. 이때 공생파트너 선택전략이 요구된다. 다양한 공생파트너 선택전략이 존재하나, 이들 전략들은 성능에 있어서 유의한 차이를 보이지 않았다[1]. 따라서 본 연구에서는 알고리즘의 계산소요시간과 구현의 용의성을 고려하여 동일 계층에 있는 다른 각 이웃에서 임의의 한 개체를 선택하는 전략을 사용한다. 단계 3.3은 계층간 상호작용으로, 적응도에 기초하여 이루어진다. 즉, 이웃 $NP_{ij}[l, q]$ 의 적응도 평가 과정에서 발견된 가장 높은 적응도를 갖는 개체의 결합 PE_{lq} 에서 $ImH(NP_{ij}[l, q])$ 의 유전자 결합에 대응하는 개체를, $ImH(NP_{ij}[l, q])$ 에 있는 가장 낮은 적응도를 갖는 개체 E_{old} 와 비교하여 $f(PE_{lq}) > f(E_{old})$ 이면, 대체한다. 이는 내공생과정을 모방한 것이다.

단계 4는 진화 과정이다. 최하위계층부터 상위계층으로, 계층별로 이웃진화가 이루어 진다. 이 진화는 안정상태(steady-state) 유전알고리즘의 형태를 따른다. 안정상태 유전알고리즘은 가장 좋은 개체가 보존되도록 한다. 또한, 높은 적응도를 갖는 개체는 생산되는 즉시 재생산에 참여하므로, 이 개체의 유전정보를 이용하여 좋은 해의 이용을 높일 수 있다. 단계 4.3에서 대체될 개체의 선택은 낮은 적응도를 갖는 개체의 선택 확률을 더 높게 하는 확률바퀴선택전략을 사용한다.

단계 4는 진화 과정이다. 최하위계층부터 상위계층으로, 계층별로 이웃진화가 이루어 진다. 이 진화는 안정상태(steady-state) 유전알고리즘의 형태를 따른다. 안정상태 유전알고리즘은 가장 좋은 개체가 보존되도록 한다. 또한, 높은 적응도를 갖는 개체는 생산되는 즉시 재생산에 참여하므로, 이 개체의 유전정보를 이용하여 좋은 해의 이용을 높일 수 있다. 단계 4.3에서 대체될 개체의 선택은 낮은 적응도를 갖는 개체의 선택 확률을 더 높게 하는 확률바퀴선택전략을 사용한다.

4. SCM의 생산과 분배계획의 진화 요소

4.1 최하위 계층의 유전요소

4.1.1 유전표현과 해석

진화알고리즘을 구축하는데 첫단계로 문제의 잠재해를 유전적 표현, 즉 개체로 표현해야 한다. 유전표현은 진화알고리즘의 적응도 평가와 유전연산자 적용에 중요한 영향을 주므로 가능한 한 문제의 특성을 잘 반영하며, 자연스럽게, 중복 표현되지 않아야 한다. 분배, 생산, 원료수급 계획을 위한 개체 표현과 그 해석은 다음과 같다.

(1) 분배계획 모집단의 개체표현 및 해석

[그림 3]은 어떤 분배센터에서 제품에 대한 기간별 수요가 주어졌을 때, 이를 주문할 공장을 결정하기 위한 개체표현 및 그 해석을 보인 것이다. 표현은 공장번호표현을 사용한다. 이 표현은 인자 위치 j 에 인자값 i 를 가지면, 위치 j 에 있는 제품의 해당시기의 수요를 공장 i 에 주문한다는 것을 의미한다. [그림 3]에서 첫 번째 유전인자 3은 제품 1에 대한 기간 1의 수요량 19를 공장 3에 주문한다는 의미이다. 분배센터 수만큼의 모집단에 이러한 표

	← 제품 1 →							← 제품 2 →							...	← 제품 P →						
기간	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7		1	2	3	4	5	6	7
수요량	19	13	21	14	11	22	16	24	12	10	19	11	11	21		19	21	13	16	21	22	17
개체표현	3	3	2	2	3	2	1	1	2	3	3	3	2	1		2	3	2	3	1	1	1
공장 1 주문량							16	24						21						21	22	17
공장 2 주문량			21	14		22			12				11			19		13				
공장 3 주문량	19	13			11					10	19	11				21		16				

[그림 3] 각 분배센터의 유전표현과 해석

현이 사용된다.

먼저 이러한 유전 표현에 의해 해석을 한다. 그 결과, 특정 공장의 생산 능력을 초과한 주문이 발생할 수 있다. 이러한 경우에는, 각 분배센터에서 공장의 주문량을 조정할 필요가 있다. 이를 위하여 생산능력 제약과 관련 비용을 고려한 아래와 같은 발견적 기법을 사용한다. 이 기법에 사용되는 기호 및 그 절차는 다음과 같다.

Q_{bjkt} : 기간 t 에 분배센터 k 에서 공장 j 로 제품 p 의 주문량

CA_j : 공장 j 의 생산능력

PA_j : 공장 j 에 할당된 총 주문량

$$(PA_{jt} = \sum_{p,k} Q_{bjkt} = PA_j, \forall t)$$

PC_{pj} : 공장 j 에서 제품 p 의 단위당 생산비용

TC_{bjk} : 공장 j 에서 분배센터 k 로 제품 p 의 단위당 운송비용

$$MC_p : MC_p = \min_{j,k} (PC_{pj} + TC_{bjk}), \forall p$$

단계 1 : $t = 1$ 로 둔다.

단계 2 : 기간 t 에 $A := \{j \mid CA_j - PA_j < 0, \text{for all } j\}$ 를 구한다.

단계 3 : $j^* = \arg \max (PA_j - CA_j, j \in A)$ 를 구한다.

단계 4 : j^* 에 대하여, $(p^*, k^*) = \arg \max_{(p,k) \mid Q_{p^*k^*} > 0} \{PC_{p^*j^*} + TC_{p^*k^*} - MC_{p^*}\}$ 인 p^*, k^* 를 찾는다.

단계 5 : $B := \{j \mid CA_j - PA_j > Q_{p^*j^*k^*}, j \neq j^*\}$ 에

서 $j' = \arg \min (PC_{p^*j'} + TC_{p^*j^*k^*}, j \in B)$ 인 j' 를 찾는다.

단계 6 : 만약, $Q_{p^*j^*k^*} > (PA_{j'} - CA_{j'})$ 이면,

$Q_{p^*j^*k^*} := (PA_{j'} - CA_{j'})$ 이고, $Q_{p^*j^*k^*} := Q_{p^*j^*k^*} - Q_{p^*j^*k^*}$ 로 둔다. 그렇지 않으면, $Q_{p^*j^*k^*} := Q_{p^*j^*k^*}$ 이고 $Q_{p^*j^*k^*} := 0$ 로 둔다

단계 7 : $PA_{j^*} := PA_{j^*} - Q_{p^*j^*k^*}$ 와 $PA_{j'} := PA_{j'} + Q_{p^*j^*k^*}$ 가 된다. 만약, $CA_{j'} - PA_{j'} < 0$ 이면 단계 4로, 그렇지 않으면 단계 8로 간다.

단계 8 : 집합 A 에서 공장 j^* 를 삭제한 후, 집합 A 가 공집합이면 단계 9로, 그렇지 않으면 단계 3으로 간다.

단계 9 : $t \leftarrow t + 1$ 로 둔다. 만약, $t \leq T$ 이면 단계 2로 간다. 그렇지 않으면 종료한다.

개체해석에 의해 Q_{bjkt} 와 PA_j 가 결정된다. 해석에 의해 생산용량제약을 초과한 공장(집합 A)이 존재하면, 이중 초과량이 가장 큰 공장(j^*)을 찾는다(단계 2와 단계 3). 공장 j^* 에 할당된 제품 중 생산비용($PC_{p^*j^*}$)과 운송비용($TC_{p^*k^*}$)을 고려하여 타 공장에서 생산할 제품을 찾는다(단계 4). 이때 기회비용의 개념이 사용된다. 단계 4에서 결정된 타 공장에서 생산될 제품에 대해 생산비용과 운송비용이 가장 적게 요구되는 다른 공장(j')을 찾는다(단계 5). 공장 j' 에 생산용량제약에 대한 초과량을 할당한다(단계 6과 단계 7). 기간별로 생산용량제

약을 초과하는 모든 공장들에 대해서 이 과정을 반복한다. 이와 같은 주문의 재할당을 통해, 공장번호표현이 갖는 단점을 어느 정도 극복할 수 있다. 공장번호표현이 갖는 가장 큰 단점은 특정 분배센터에서 특정 시점에 어떤 제품을 공장에 주문 할 때, 그 양을 나누어 여러 공장에 주문하는 것이 허용되지 않는다는 것이다.

(2) 생산계획 모집단의 개체표현 및 해석

분배센터에서 받은 주문을 생산할 공장이 결정되면, 각 공장에서는 언제, 얼마를 생산할 것인가를 결정해야 한다. 이때 각 공장에서의 생산량은 각 분배센터의 주문량을 기간별로 합한 것이고, 납기 지연은 허용하지 않는다.

개체표현 방법은 [그림 4]에서와 같이 Dellaert [7]가 제시한 이진표현을 사용한다. 인자 위치는 생산기간을 나타내고, 인자값이 1이면 해당 기간에 해당 제품을 생산하고 0이면 생산하지 않음을 의미한다. 인자값이 0에 해당하는 기간의 주문량은 인자값이 1인 가장 가까운 이전기간에서 생산하는 것으로 해석한다. 예를 들어, [그림 4]에서 세번째

인자값이 0이므로, 기간 1에서 기간 1과 기간 2의 수요까지 만족시키는 $77(= 35 + 42)$ 을 생산하고, 재고는 42를 갖는 것으로 해석한다. 또한, 모든 제품에 대한 기간당 생산량이 공장의 생산능력제약을 초과하면 납기 지연을 허락하지 않으므로, 초과량은 초과된 기간의 직전 기간에서 재고 비용이 가장 싼 제품을 생산한다. 이 경우도 생산능력을 초과하면, 그 직전 기간에 생산한다.

(3) 원료수급계획 모집단의 개체표현 및 해석

각 공장에서 매 기간 생산할 제품과 생산량이 결정되면, 각 공장은 원료 공급지로부터 총비용이 최소가 되도록 원료를 공급받고자 한다. 이를 위하여 각 공장에서 매 기간, 각 제품의 원료 공급지를 결정한다고 본다. 각 제품에 대한 매 기간의 원료 공급지는 분할되지 않는다고 가정한다. 그리고 원료 공급지에 공급능력이 초과되는 경우는 공급능력이 허용하는 공급지 중에서 원료공급비용이 가장 적은 공급지부터 차례로 이 초과량을 공급받는다고 해석한다. 개체표현은 분배계획에서와 유사하게 원료공급지 번호표현을 사용한다. [그림 5]는 이를

	← 제품 1 →						← 제품 2 →						...	← 제품 P →								
기간	-1	1	2	3	4	5	6	-1	1	2	3	4	5	6		-1	1	2	3	4	5	6
주문량	45	35	42	50	40	52	47	37	41	35	47	40	33	37		39	48	30	36	43	47	38
개체표현	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1		1	0	1	1	0	1	1
생산계획(생산량)	45	77	0	50	92	0	47	78	0	35	47	73	0	37		87	0	30	79	0	47	38
재고량		42			52			41				33				48			43			

[그림 4] 각 공장의 생산계획의 유전표현과 해석

	← 제품 1 →					← 제품 2 →					...	← 제품 P →										
기간	-2	-1	1	2	3	4	5	-2	-1	1	2	3	4	5		-2	-1	1	2	3	4	5
생산량	45	77	0	62	80	0	47	78	0	35	47	73	0	37		87	0	30	79	0	47	38
개체표현	1	2	2	3	3	1	2	3	2	2	3	1	1	2		3	2	1	2	1	3	2
원료지 1 주문량	45											73						30				
원료지 2 주문량		77					47			35				37					79			38
원료지 3 주문량				62	80			78			47					87						47

[그림 5] 각 공장의 원료수급계획의 유전표현과 해석

위한 표현과 해석을 보이고 있다.

4.1.2 유전연산자

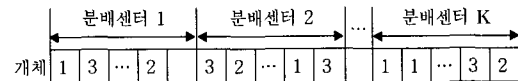
유전연산자는 교차와 돌연변이로 나누어진다. 교차는 두 부모가 갖는 유전자를 조합하여 자손을 생산하는 과정이다. 돌연변이는 개체에 새로운 유전자가 생산되는 것으로, 한 개체에서 아주 작은 수의 유전자를 임의로 변화시키는 과정이다. 분배계획, 생산계획, 원료수급계획을 나타내는 3개의 모집단에 대하여 교차는 모두 이점교차(two-point crossover)를 사용한다. 돌연변이는 각 모집단마다 다른 방법을 사용하였다. 생산계획 모집단은 대립형질 돌연변이를 사용한다. 분배계획 모집단은 대안공장중 임의 선택하는 방법을 사용하였고, 원료수급계획 모집단은 대안원료공급지 중에서 임의로 선택하였다. 실제로 돌연변이는 다음 과정으로 이루어진다. 먼저, 개체돌연변이율에 따라 돌연변이할 개체를 선택한다. 그리고 선택된 개체의 각 인자에 인자돌연변이율을 적용하여 돌연변이시킬 인자를 결정하였다.

4.2 상위 계층 모집단의 유전요소

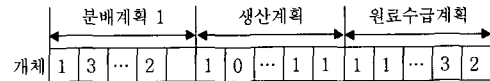
계층 2와 계층 3에 있는 모집단들은 직하위 모집단들의 개체들을 서로 결합한 형태로 개체들이 구성된다. 따라서, 계층 2에 있는 분배계획 모집단의 표현은 [그림 6]의 (a)에서 보인 바와 같이 직하위에 있는 각 분배센터의 분배계획의 합으로 이루어진다. 계층 2의 다른 부분 모집단도 이와 유사한 방법으로 만들어진다. 마찬가지로 계층 3에 존재하는 생산과 분배계획 통합 모집단의 개체는 자신의 직하위 모집단들인 분배계획 모집단, 생산계획 모집단, 원료수급계획 모집단의 개체들을 결합한 형태로 표현된다. 이를 개념적으로 표현하면, [그림 6]의 (b)와 같다.

계층 2와 계층 3에 있는 모집단들에 대한 유전연산자는 계층 1에서 적용한 그것들과 같은 방법을 사용한다. 다만, 이때의 개체들은 다중염색체의 형태로 표현되어 있으므로, 결합된 각 부분에 대하

여 계층 1에서 적용한 연산자를 사용하여 유전연산을 행한다. 예로, 계층 3에 있는 개체는 세 종류의 개체, 즉 분배계획, 생산계획, 원료수급계획에 있는 각 개체들이 결합된 형태이므로, 이들 각 부분에 대하여 4.1.2절에서 언급한 연산자들을 순차적으로 사용하여 유전연산한다.



(a) 분배계획 모집단(계층 2)의 유전표현



(b) 생산/분배 통합 모집단(계층 3)의 유전표현

[그림 6] 계층 2와 계층 3의 유전표현

4.3 적응도 함수

계층 1과 계층 2에 존재하는 개체들은 부분해를 표현하므로, 개체의 적응도 평가시 동일 계층의 모든 모집단에서 각기 하나의 공생파트너를 선택하고, 이들을 결합하여 평가한다. 계층 3에 있는 모집단의 개체는 그 자체가 통합문제에 대한 완전한 해(complete solution)를 나타내므로 공생파트너 없이 적응도가 평가된다.

본 연구에서 다루는 SCM의 생산계획과 분배계획의 통합문제는 공장의 생산능력제약, 원료공급지의 원료공급능력제약이 있다. 그로 인해 제약을 만족하는 해를 유도할 수 있는 유전표현과 그 연산방법을 찾기는 쉽지 않다. 본 연구에서 사용하는 유전표현의 해석과정은 가능한 한 가능해를 유도하려 하지만 비가능해가 생산될 수 있다. 따라서, 식 (11)에서와 같은 적응도 함수식을 사용하여 개체의 적응도를 평가한다. 적응도 함수식에서는 제약을 위반한 정도에 따라 벌금을 부과하는 방법을 사용하였다.

$$Fitness = TotalCost + \sum_{p,j} G_{pj} A_{pj}^a + \sum_{p,i,j} I_{pij} B_{pij}^b \quad (11)$$

식 (11)에서 첫 번째 항의 *TotalCost*는 식 (1)의 총비용을 나타내며, 두 번째 항과 세 번째 항은 각각 공장의 생산능력제약과 원료공급지의 원료공급능력 제약에 대한 벌금을 나타낸다. 두 번째 항은 생산계획기간 동안 각 공장에서 분배센터의 제품수요를 만족시키지 못한 양(A_{pi})에 대한 벌금을, 세 번째 항은 생산계획기간 동안 원료공급능력 제약을 초과하여 발생하는 원료의 부족량(B_{pi})에 대한 벌금을 나타낸다. 벌금은 가능해와 비가능해가 적절하게 차별화 될 수 있도록 적응도에 부과되어야 한다. 이를 위하여, 실험을 통하여, 파라미터 α, β 를 결정한다.

5. 실험설계 및 결과분석

5.1 실험설계

본 연구에서 제안한 MEA의 탐색 성능은 두 가지 측면에서 비교한다. 절대적인 평가를 위해 앞의 2.2절에서 제시한 수리모형을 통한 최적해와 비교하며 또한, 상대적인 평가를 위해 다음 두 진화알고리즘과 비교한다. 하나는 한 개체에 표현하고자 하는 모든 정보를 표현하고, 단일 모집단만을 운영하는 고전적인 진화알고리즘이다. 본 연구에서는 이를 TEA(Traditional Evolutionary Algorithm)이라 부른다. TEA는 제안한 알고리즘에서 최상위 계층인 계층 3만을 운영하는 것과 같다. 비교하는 진화알고리즘중 또 다른 하나는 Kim *et al.*[12]이 제안한 SEA(Symbiotic Evolutionary Algorithm)를

사용한다. SEA는 부분문제마다 모집단을 두어 알고리즘의 전체적으로는 복수개의 모집단을 구성하지만, 이들이 단일계층을 이루고 있는 형태이다. SEA에 대한 자세한 내용은 Kim *et al.*[12]의 연구를 참조하기 바란다.

모든 알고리즘은 C++언어로 구현되었으며, 1.7 GHz Pentium CPU를 장착한 IBM-PC에서 수행되었다. 유전 파라미터들은 예비실험을 통하여 결정하였다. 첫째, 모집단의 크기는 100(10×10의 격자구조)으로 하였다. 둘째, 식 (11)에서 사용된 벌금 계수 α 는 1.2, β 는 1.1로 두었다. 셋째, 돌연변이율은 모든 모집단에서 개체 돌연변이율을 0.15로 하였으며, 인자 돌연변이율을 0.3로 두었다. 마지막으로 종료조건은 개체 평가횟수를 사용하였고, 각 문제마다 종료조건은 해공간의 차이를 반영하기 위하여 달리 두었다. 비교 알고리즘에서 사용된 진화 전략, 유전 파라미터 및 유전요소들은 MEA의 파라미터 및 요소들과 동등한 조건으로 설정하였다.

5.2 최적해와의 성능비교

MEA의 절대적인 평가를 위해서 수리모형을 통한 최적해와 비교 분석하였다. MEA의 종료조건은 해의 더 이상 개선이 없는 경우에 종료하였으며, 최적해는 ILOG CPLEX 7.5 패키지를 사용하였다. 수리모형은 변수의 수가 증가함에 따라 최적해를 탐색하는 시간이 지수적으로 증가하기 때문에 비교적 작은 크기의 문제를 이용하여 비교하였다.

<표 1>은 MEA와 최적해의 비교를 위한 실험

<표 1> MEA와 최적해와의 성능비교

번호	실험 문제					최적해	MEA	효율(%)
	분배센터 수	공장 수	원료공급지 수	제품 수	기간			
PA01	2	2	2	2	3	38,567	38,920	99.1
PA02	2	2	3	3	4	82,862	83,128	99.7
PA03	3	2	3	3	3	94,386	95,449	98.9
PA04	3	2	3	2	4	68,459	68,830	99.5
PA05	3	3	3	3	4	115,838	117,781	98.3

문제의 구성 및 실험결과를 보인 것이다. <표 1>에서 보이지 않는 또다른 실험문제의 구성요소들 즉, 각 비용과 생산 및 공급능력 제약들은 다양한 예비 실험을 통하여 제약의 강약을 표현할 수 있도록 합리적인 수준으로 결정하였다. 아래 표에서 최적해 및 MEA의 결과값은 모든 제약을 만족한 해가 보인 총비용이고, MEA의 결과값은 10회 반복실험의 평균값이다. 마지막 열의 효율은 MEA에 의한 해의 수준을 평가하기 위한 것으로 $\{1 - (\text{MEA} - \text{최적해}) / \text{최적해}\} \times 100(\%)$ 의 식에 의해 계산하였다.

실험결과, MEA는 실험문제의 크기에 무관하게 98% 이상의 효율성을 보이며, 계산시간도 합리적인 수준이내인 것으로 나타났다. 문제 PA04까지는 모두 4초미만이 소요되었고, 문제 PA05는 평균적으로 12.5초 정도의 계산시간을 요구하였다. MEA가 비교적 작은 크기의 실험문제에서 최적해를 탐색하지 못하는 이유는 본 연구에서 사용한 여러 개체해석 방법때문으로 판단된다. 개체해석방법은 짧은 시간내에 좋은 해를 발견할 수 있도록 하지만, 모든 해공간을 탐색하지 못하게 하므로 최적해의 탐색을 보장하지 못한다. 본 연구에서는 복잡도가 높은 SCM의 생산과 분배계획의 통합문제에 대하여 합리적인 계산시간내에 일정 수준 이상의 해를 탐색하는 것에 초점을 맞추어, 앞에서 언급한 개체해석방법을 사용하였다.

5.3 진화알고리즘들간의 성능비교

<표 2>는 진화알고리즘들간의 상대적인 성능 비교를 위하여 새롭게 생성한 15개의 실험문제의 구성을 보인 것이다. 여기에서 생성한 실험문제는 <표 1>에서 제시한 문제들에 비하여 비교적 문제 크기가 큰 문제들이다. 각 문제에 대한 비용요소 및 여러 제약들은 앞에서 언급한 바와 같이 사용하였다. 종료조건은 모든 모집단의 개체 평가횟수의 합으로 하였다. 이를 구체적으로 보면, PB01~PB03은 $2.5E + 05$ 개, PB04~PB07은 $6.0E + 05$ 개, PB08~PB12는 $8.0E + 05$ 개, 그리고 PB13~PB15는 $1.5E +$

06일 때 알고리즘을 종료하였다.

<표 2> MEA의 상대적 비교를 위한 실험문제

문 제 번 호	분배센터 수	공장 수	원료공급지 수	제품 수	기 간
PB01	3	2	3	3	7
PB02	3	2	5	5	10
PB03	5	3	3	3	7
PB04	5	3	5	5	10
PB05	5	5	5	5	15
PB06	7	3	3	3	7
PB07	7	3	5	3	10
PB08	7	5	5	5	15
PB09	7	5	7	5	7
PB10	7	5	7	5	15
PB11	9	5	7	5	10
PB12	9	5	7	5	15
PB13	9	7	7	7	7
PB14	9	7	10	7	10
PB15	9	7	10	7	15

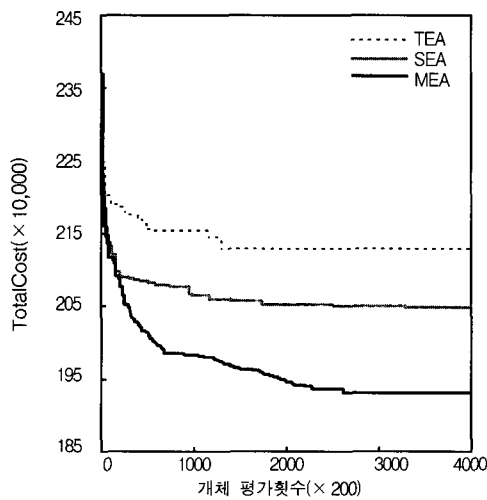
MEA와 다른 두 진화알고리즘들이 보인 실험결과는 <표 3>과 같다. <표 3>에서 'Best', 'Mean', 'Stdev'는 각각 10회 반복실험동안 각 알고리즘이 보인 총비용의 가장 좋은 값, 평균값, 그리고 표준편차를 나타낸 것이다. 표에서 제시한 값들은 기본단위를 ($\times 1,000$)으로 하여 반올림한 값들이다. 마지막 열은 전통적인 진화알고리즘인 TEA에 대한 MEA의 개선율로, $\{(\text{TEA의 Mean} - \text{MEA의 Mean}) / \text{TEA의 Mean}\} \times 100(\%)$ 의 식에 의해 계산하였다.

실험결과, 모든 실험문제에서 제안한 MEA가 다른 비교알고리즘보다 좋은 결과를 보였다. 그리고 SEA가 그 다음으로 좋은 결과를 보였으며 TEA가 가장 낮은 성능을 보였다. 이상의 결과로부터, 전통적인 진화알고리즘에서 사용하는 단일 모집단과 다중염색체 표현으로 통합문제를 해결하는 것은 효과적인 방법일 수 없다고 말할 수 있다. 즉, MEA와 SEA처럼 여러 개의 부분해를 통한 병렬탐색이 하나의 전체해를 통한 단일탐색보다 해의 탐색성능 측면에서 보다 효과적임을 알 수 있었다. 또한, MEA가 SEA보다 우수한 성능을 보임에 따라, 다계층 구조를 갖는 통합문제를 단일 계층화하여 해

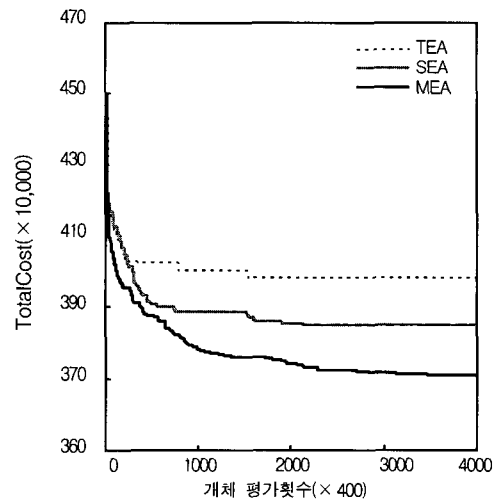
〈표 3〉 MEA와 기존 진화알고리즘들간의 성능비교

문 제 번 호	TEA			SEA			MEA			개선율 (%)
	Best	Mean	Stdev	Best	Mean	Stdev	Best	Mean	Stdev	
PB01	206.0	210.7	3.5	182.3	183.4	0.8	180.1	181.8	1.1	13.7
PB02	559.4	567.0	5.3	507.4	518.7	7.4	492.8	504.0	8.8	11.1
PB03	330.3	333.8	2.1	319.6	324.1	4.3	314.0	315.5	1.1	5.5
PB04	993.2	999.1	4.4	959.7	975.0	8.1	946.0	951.6	5.8	4.8
PB05	1,541.4	1,549.5	6.2	1,480.4	1,499.6	15.1	1,438.3	1,453.8	7.5	6.2
PB06	535.0	540.4	4.0	517.7	526.6	5.4	512.2	515.4	2.3	4.6
PB07	700.2	708.2	6.3	643.8	667.7	13.5	606.7	624.8	8.6	11.8
PB08	2,211.7	2,221.1	6.7	2,127.0	2,163.0	16.9	2,081.1	2,097.7	10.5	5.6
PB09	928.0	949.6	12.7	881.7	902.0	12.3	815.2	832.9	11.0	12.3
PB10	2,167.5	2,180.7	12.1	2,019.1	2,087.7	29.9	1,963.3	1,998.6	22.8	8.4
PB11	1,747.4	1,757.9	8.1	1,646.0	1,696.8	24.3	1,591.4	1,606.4	8.1	8.6
PB12	2,691.2	2,698.0	4.7	2,564.6	2,605.1	28.8	2,479.2	2,512.3	16.4	6.9
PB13	1,818.2	1,826.5	6.3	1,745.0	1,761.8	9.5	1,630.7	1,654.3	14.3	9.4
PB14	2,545.4	2,567.4	16.8	2,434.2	2,473.6	23.2	2,286.2	2,305.8	13.6	10.2
PB15	3,928.9	3,956.3	16.6	3,787.7	3,849.7	30.7	3,651.2	3,680.6	17.4	7.0

결하는 것은 좋지 않음을 확인할 수 있다. 또한, MEA는 내공생 진화과정을 모방하여 분리된 해들이 존재하는 모집단과 결합된 해들이 존재하는 모집단을 동시에 운영하고, 진화가 계속되는 동안 하위계층에서 발견된 좋은 해들이 내공생자로 만들어져 상위계층으로 이동하는 진화전략을 사용한다. MEA가 가장 좋은 성능을 보인 것은 이러한 진화전략의 사용과 문제의 구조를 변형시키지 않음에 기인한 것으로 판단된다.



(a) PB10



(b) PB15

[그림 7] 진화알고리즘간 수렴속도 비교

[그림 7]은 실험문제중 PB10과 PB15문제의 개체 평가횟수의 증가에 따른 진화과정을 구체적으로 보인 그림이다. 그림에서 알 수 있듯이 MEA가 다른 비교알고리즘보다 진화 초기부터 우수한 성능을 보인다. 진화의 시간측면에서 SEA가 TEA보다 10%, MEA가 SEA보다 15% 정도 더 소요되는 것으로 나타났다. 이는 SEA의 공생파트너 선택과 MEA의 내공생자 생성과 운영에 의한 것으로 보인다

다. 그러나 [그림 7]에서 보듯이 진화의 어느 시점에서 종료하더라도 비교된 기법보다 항상 좋은 해를 제공함으로써, 종료조건을 유연하게 설정하여 계산 시간에 대한 부담을 줄일 수 있다. MEA의 평균 계산시간은 PB01~PB03이 25초, PB04~PB07이 105초, PB08~PB12가 230초, PB13~PB15가 670초 정도 소요되었다.

6. 결 론

본 연구에서는 다계층 통합문제를 효과적으로 해결할 수 있는 새로운 방법론으로 진화알고리즘의 특별한 형태인 MEA를 제안하였다. 그리고 MEA를 이용하여, SCM의 생산계획과 분배계획의 통합문제를 해결함으로써 알고리즘의 적용성을 검증하였다.

실험결과, MEA는 작은 크기의 문제에 대하여 최적해와 비교하여 짧은 시간내에 효율적으로 근사 최적해를 찾음을 보였으며, 대형 문제를 가지고 기존 진화알고리즘과의 비교를 통해 TEA와 SEA보다 안정적이며 좋은 성능을 보였다. 특히, 진화의 초기 단계부터 진화시간의 흐름에 상관 없이 항상 좋은 해를 생산하였다. 이와 같은 결과의 주된 이유는 MEA가 부분해와 이들의 결합으로 이루어진 완전해가 공존하는 모집단 구성을 통한 병렬성, 계층간의 내공생자 생성 및 이동을 통한 수렴성, 이웃진화 전략 사용을 통한 다양성 등을 강조하기 위한 진화전략을 사용했기 때문인 것으로 분석된다. 진화알고리즘이 갖는 적용의 유연성에 의해, MEA는 다루려는 문제의 적절한 유전표현이 가능하다면 상호관련성을 갖는 복잡하고 동적인 여러 부분 문제들이 다계층 구조로 이루어진 문제를 통합적으로 해결하는데 적용 가능할 것으로 보인다.

참 고 문 헌

- [1] 김재운, 김여근, 신태호, “공생 진화알고리즘에서의 공생파트너 선택전략 분석”, 『한국경영과학회지』, 제25권, 제4호(2000), pp.68-80.
- [2] 정성원, 장양자, 박진우, “유전알고리즘을 이용한 생산 및 분배 계획”, 『한국경영과학회지』, 제26권, 제4호(2001), pp.133-141.
- [3] Beamon, B.M., “Supply chain design and analysis : Models and methods,” *International Journal of Production Economics*, Vol.55(1998), pp.281-294.
- [4] Bitran, G.R. and H.H. Yanasse, “Computational complexity of the capacitated lot size problem,” *Management Science*, Vol.28(1982), pp.1174-1186.
- [5] Bylka, S., “A dynamic model for the single-vendor, multi-buyer problem,” *International Journal of Production Economics*, Vol.59(1999), pp.297-304.
- [6] Cohen, M.A. and S. Moon, “An integrated plant loading model with economies of scale and scope,” *European Journal of Operational Research*, Vol.50(1991), pp.266-279.
- [7] Dellaert, N., J. Jeunet and N. Jonard, “A genetic algorithm to solve the general multi-level lot-sizing problem with time-varying costs,” *International Journal of Production Economics*, Vol.68(2000), pp.241-257.
- [8] Dhaenens-Flipo, C. and G. Finke, “An integrated model for an industrial production-distribution problem,” *IIE Transaction*, Vol.33(2001), pp.705-715.
- [9] Erengüç, S.S., N.C. Simpson and A.J. Vakharia, “Integrated production/distribution planning in supply chains : An invited review,” *European Journal of Operational Research*, Vol.115(1999), pp.219-236.
- [10] Kim, J.Y., Y. Kim and Y.K. Kim, “An endosymbiotic evolutionary algorithm for

- optimization," *Applied Intelligence*, Vol.15 (2001), pp.117-130.
- [11] Kim, Y.K., S.J. Kim and J.Y. Kim, "Balancing and sequencing mixed-model U-lines with a co-evolutionary algorithm," *Production Planning and Control*, Vol.11 (2000), pp.754-764.
- [12] Kim, Y.K., K. Park and J. Ko, "A symbiotic evolutionary algorithm for the integration of process planning and job shop scheduling," *Computers & Operations Research*, Vpl.30(2003), pp.1151-1171.
- [13] Maher, M.L. and J. Poon, "Modelling design exploration as co-evolution," *Microcomputers in Civil Engineering*, Vol.11(1996), pp.195-210.
- [14] Mohamed, Z.M., "An integrated production-distribution model for a multi-national company operation under varying exchange rates," *International Journal of Production Economics*, Vol.58(1999), pp.81-92.
- [15] Ozdamr, L. and T. Yazgac, "A hierarchical planning approach for a production-distribution system," *International Journal of Production Research*, Vol.37, No.6(1999), pp.3759-3772.
- [16] Potter, M.A., "The design and analysis of a computational model of cooperative coevolution," Ph.D. dissertation, George Mason University, 1997.
- [17] Syarif, A., Y. Yun and M. Gen, "Study on multi-stage logistics chain network : a spanning tree-based genetic algorithm approach," to appear in *Computers & Industrial Engineering*, 2002.
- [18] Thomas, D.J. and P.M. Griffin, "Coordinated supply chain management," *European Journal of Operational Research*, Vol.94 (1996), pp.1-15.
- [19] Timpe, C.H. and J. Kallrath, "Optimal planning in large multi-site production networks," *European Journal of Operational Research*, Vol.126(2000), pp.422-435.
- [20] Vidal, C.J. and M. Goetschalckx, "Strategic production-distribution models : A critical review with emphasis on global supply chain models," *European journal of Operational Research*, Vol.89(1997), pp.1-18.