ZESZYTY NAUKOWE POLITECHNIKI ŚLASKIEJ 2006
Seria: AUTOMATYKA z. 144 Nr kol. 1727

Waldemar GRZECHCA
Politechnika Śląska

ZAWARTOŚĆ INFORMACYJNA CHROMOSOMU W PROBLEMIE BALANSOWANIA LINII MONTAŻOWEJ*

Streszczenie. W artykule została rozważona zawartość informacyjna chromosomu dla problemu balansowania linii montażowej (BLM). Streszczono problem BLM, a następnie przedstawiono metody wykorzystywane do rozwiązania rozważanego problemu. Skupiono się nad algorytmem genetycznym, a w szczególności nad budową chromosomu i jego różnej zawartości informacyjnej. Różnorodność informacji zawartej w chromosomie wykorzystano do oceny otrzymywanych rozwiązań.

INFORMATION CONTENTS OF CHROMOSOME IN SIMPLE ASSEMBLY LINE BALANCING PROBLEM

Summary. In the paper information content of chromosome in simple assembly line balancing problem (SALBP) is presented. First the SALBP is described and next different methods for discussed problem are considered. Especial genetic algorithms are shown and the construction of chromosome is presented. Different information content of chromosome is used for estimation of given results.

1. Wprowadzenie

Problem BLM absorbuje od kilkudziesięciu lat wielu naukowców i inżynierów na całym świecie. Nic dziwnego, ponieważ stawką uzyskania dobrego balansu linii montażowej jest lepsza organizacja pracy, a co za tym idzie, większe zyski uzyskane z produkcji produktu finalnego. Balansowanie linii montażowej polega na równomiernym rozłożeniu operacji pomiędzy stacje robocze linii tak, aby czas przestoju poszczególnych maszyn był minimalny. Zakłada się przy tym, iż znane są czasy wykonywania operacji na maszynach, relacje kolejnościowe istniejące pomiędzy operacjami wynikające z technologii wytwarzania produktu finalnego oraz wielkość cyklu produkcyjnego lub liczba maszyn. Aby proces balansowania był zakończony, należy przydzielić każdą operację raz i tylko do jednej stacji roboczej [1]. Problem balansowania linii montażowej może być podzielony generalnie na dwie grupy:

*Praca częściowo finansowana w ramach projektu badawczego KBN nr 3T11A02229.

a) stały cykl produkcyjny i wyznaczenie minimalnej liczby stacji roboczych,
b) stała liczba stacji roboczych i poszukiwanie optymalnej (jak najmniejszej) wartości cyklu produkcyjnego [2].

2. Metody rozwiązywania problemu BLM

Uzyskanie rozwiązania opisywanego problemu BLM stwarza często wiele problemów ze względu na NP-trudną złożoność obliczeniową. Dlatego też wykorzystuje się tam, gdzie jest to możliwe, metody dokładne, dające optymalne rozwiązanie oraz bardzo często metody heurystyczne, zapewniające rozwiązanie dopuszczalne dla rozpatrywanego zagadnienia.

Algorytmy dokładne są oparte na metodach: liniowego programowania dyskretnego, programowania sieciowego, programowania dynamicznego oraz na metodzie podziału i ograniczeń. Analizując dostępną literaturę można jednak stwierdzić, iż zdecydowana większość wykorzystywanych algorytmów oparta jest na metodzie programowania dynamicznego lub metodzie podziału i ograniczeń.

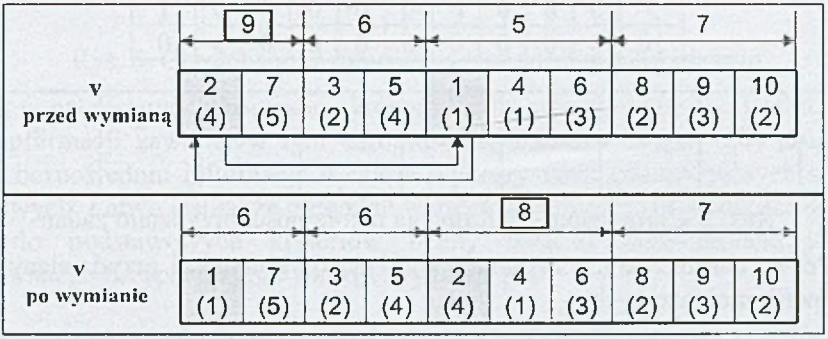
Algorytmy heurystyczne cechuje duża różnorodność. Ogólnie można je podzielić na algorytmy: szeregowania oraz przydziału. Do pierwszej grupy należą algorytmy, które pozwalają wyznaczyć bezpośrednio dopuszczalną sekwencję wykonywania operacji. Sekwencję tę wyznacza się na podstawie heurystycznych reguł. Do drugiej grupy należą algorytmy, które pozwalają wyznaczyć bezpośrednio podzbiory operacji na stanowiskach pracy. Algorytmy szeregowania zaleca się, gdy cykl jest krótki względem czasów operacji, tzn. liczba operacji na stanowiskach pracy nie jest duża. W przeciwnym przypadku lepsze rezultaty dają algorytmy przydziału, ponieważ kolejność operacji niezależnych może być dowolna [2], [3] [4].

Metody aproksymacyjne zostały podzielone na cztery kategorie:
1) jednej heurystyki, bazujące na jednym atrybucie każdej z przydzielanej operacji,
2) wielu heurystyk, bazujące na kilku atrybutach każdej z przydzielanej operacji,
3) nawrotu, bazujące na otrzymanym rozwiązaniu i udoskonalające je dzięki obliczeniom w tył,
4) ograniczonego czasu uzyskania optymalnego rozwiązania, poszukujące rozwiązania w limitowanym przedziale czasu.

Do grupy algorytmów heurystycznych należą również algorytmy genetyczne. W literaturze istnieje wiele odmian tego typu algorytmów dla opisywanego problemu. Różnią się one sposobem kodowania informacji, mechanizmem selekcji, operatorem krzyżowania oraz mutacji. Zasadnicza różnica między algorytmami heurystycznymi a algorytmami genetycznymi polega na uzyskiwaniu dla tych drugich wielu rozwiązań, których liczba uzależniona jest od populacji chromosomów wykorzystywanej w obliczeniach. Powstaje zatem problem polioptymalizacji, polegający na ocenie rezultatów obliczeń pod względem różnych wskaźników oceniających balans linii montażowej. Na pewno związany z tą oceną nakład obliczeniowy jest większy, ale z drugiej strony otrzymujemy przegląd rozwiązań dopuszczalnych, co pozwala na wybór wyniku najbardziej zbliżonego do najlepszego ze względu na stosowane kryteria oceny. W dalszej części artykułu zostanie omówiony charakter informacyjny chromosomu i zalety wynikające z różnego sposobu kodowania.

3. Postać chromosomu w problemie BLM

Sposób kodowania informacji w algorytmie genetycznym odróżnia wiele wariantów powstałych metod. Jednym ze stosowanych algorytmów do znajdowania rozwiązania problemu BLM o stałej liczbie stacji roboczych a zmiennym cyklu produkcyjnym jest algorytm Rubinovitza [5]. Jedną z cech tego opisu jest zastosowanie mechanizmu wymiany operacji między stacjami roboczymi o różniących się znacznie czasami ich wykorzystania. Mechanizm ten pozwala na ulepszenie balansu linii montażowej uzyskanego jako wynik dopuszczalny, ale dalekiego od oczekiwanego (ze względu na nierównomierny przydział zadań do stacji). Na rysunku 1 graficznie wyjaśniono stosowanie tego mechanizmu.



Rys. 1. Chromosom przed i po wymianie operacji pomiędzy stacjami roboczymi

Chromosom pokazany na rysunku 1. reprezentuje kolejność wykonywania zadań na poszczególnych stacjach montażowych i pozwala na uzyskanie wprost informacji o przydziale operacji do poszczególnych stanowisk:

stanowisko 1 – zadanie 1, zadanie 7
stanowisko 2 – zadanie 3, zadanie 5
stanowisko 3 – zadanie 2, zadanie 4, zadanie 6
stanowisko 4 – zadanie 8, zadanie 9, zadanie 10.

Często jednak w problemie balansowania wymagana jest natychmiastowa ocena przez inżyniera uzyskiwanego wyniku ze względu na różne inne kryteria przyjęte w zakładach produkcyjnych. Wówczas stosuje się inny sposób kodowania, który umożliwia bezpośredni dostęp do innych informacji. W dalszych rozważaniach odniesiono się do prostego montażu złożonego z 10 operacji i 4 maszyn. Czasy poszczególnych operacji przedstawiono w tabeli 1, natomiast powiązania technologiczne miedzy operacjami definiuje macierz relacji kolejnościowej w tabeli 2.

Tabela 1

Czasy operacji

Nr operacji	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Czas [min]	1	4	2	6	4	3	5	2	3	2

Tabela 2

Macierz relacji kolejnościowej

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
6	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

3	9	5	2	1	4	6	7	8	10

Rys. 2. Chromosom z informacją o kolejności przydziału zadań

Postać chromosomu z rysunku 2. odpowiada kolejności przydzielanych zadań do stanowisk montażowych.

1	1	2	2	2	3	3	4	4	4

Rys. 3. Chromosom z informacją o stacji przydziału

Postać chromosomu z rysunku 3. pozwala na uzyskanie informacji, ile stacji zostało wykorzystanych oraz ile operacji przydzielono do poszczególnych stacji roboczych.

0	2	9	13	17	18	24	27	32	34

Rys. 4. Chromosom z informacją o czasie rozpoczęcia wykonywania operacji

Znajomość chwil rozpoczęcia wykonywania przydzielonych do linii montażowej operacji pozwala wraz ze znajomością przydziału do poszczególnych stacji oraz czasem trwania realizacji zadań określić chwile przestoju stanowisk roboczych. W naszym przykładzie przy znalezionym cyklu wynoszącym 9 jednostek czasu i przydziale {S1-(3,9), S2-(5,2,1), S3-(4,6), S4-(7,8,10)} łatwo zauważyć , iż przestój wystąpił tylko na stanowisku montażowym 1 i wynosi 4 jednostki czasowe.

2	5	13	17	18	24	27	32	34	36

Rys. 5. Chromosom z informacją o czasie zakończenia wykonywania operacji

Podobną zawartość informacyjną ma chromosom, w którym zakodowano chwile zakończenia wykonywania poszczególnych operacji. Podobnie jak poprzednio można łatwo wyznaczyć przestoje stanowisk. Dodatkowo z postaci chromosomu (rys.4), wprost dostępna jest chwila zakończenia realizacji zlecenia rozumiana jako czas linii montażowej [6]. W rozważanym przykładzie wynosi on 36 jednostek czasu.

Dotychczasowe chromosomy budowane były w oparciu o liczbę operacji, a różny sposób kodowania pozwalał na dostęp do różnych informacji. Jednak istnieje również w problemie BLM budowa chromosomu którego liczba genów nie jest równa liczbie przydzielanych operacji.

5	9	9	9

Rys. 6. Chromosom z informacją o czasie zajętości maszyn

Rysunek 6. przedstawia chromosom, którego liczba genów równa jest liczbie maszyn. Dzięki informacji zawartej w tym chromosomie możemy znając cykl produkcyjny uzyskać bezpośrednio informacje o czasie wykorzystania poszczególnych stanowisk montażowych. Łatwo jest także otrzymać wartość współczynnika gładkości linii, który należy do podstawowych kryteriów oceny balansu linii produkcyjnej. Dla rozpatrywanego przypadku jego wartość wynosi 4 [6].

3. Wnioski i uwagi końcowe

Istnieje wiele odmian algorytmów genetycznych, które znalazły zastosowanie w rozwiązywaniu problemu BLM. Musimy mieć świadomość, iż od sposobu zapisu informacji, doboru wielkości chromosomu, wielkości populacji początkowej oraz operatorów charakteryzujących algorytmy genetyczne zależą efektywność oraz czas uzyskania zadowalającego rozwiązania. Dla oceny uzyskanego balansu linii produkcyjnej podaje się często jej efektywność, czas trwania montażu produktu finalnego oraz analizuje przestoje poszczególnych stacji roboczych (współczynnik gładkości). Szybki dostęp do odpowiednich informacji (uszeregowanie zadań, liczba stanowisk, czasy rozpoczęcia oraz zakończenia poszczególnych zadań, czasy wykorzystania stanowisk itd.) pozwalają na szybką ocenę otrzymanego rozwiązania różnymi kryteriami. Dlatego też wydaje się uzasadnione zwrócenie uwagi na postać chromosomu, gdyż odpowiedni zapis pozwala na bezpośredni dostęp do informacji ułatwiającej dokonanie oceny wielokryterialnej i podjęcie decyzji o zastosowaniu uzyskanego rozwiązania lub poszukiwaniu innych balansów dopuszczalnych o lepszych wartościach rozpatrywanych kryteriów.

LITERATURA

1. Salveson M.E.: The asssembly line balancing problem. The Journal of Industrial Engineering, Vol.6, 1955, p. 18-25.
2. Scholl A: Balancing and sequencing of assembly lines. Physica Verlag, Heidelberg 1999.

3. Ponnambalam S.G., Aravindan P., Mogileeswar G.: A comparative evaluation of assembly line heuristics. The International Journal of Advanced Manufacturing Technology 15, 1999, p. 577-586.
4. Talbot F.B., Peterson J.H., Gehrlein W.V.: A comparative evaluation of heuristic line balancing techniques. Management Science 32, No.4, 1986, p. 431-454.
5. Rubinovitz J., Livitin G.: Genetic algorithm for assembly line balancing. International Journal of Production Economics 41, 1995, p. 343-354.
6. Grzechca W.: Ocena rozwiązania problemu balansowania linii montażowej. ZN Politechniki Śląskiej Seria Automatyka z.135, 2002, s. 35- 43.

Recenzent: Dr hab.inż. Bożena Skołud, Prof. Pol. Śl.

Abstract

In this paper some problems connected with assembly line balancing are described. In the first section a short introducing to the problem is made. Next some solutions method are mentioned and the given solutions are discussed. The main goal of the paper is to present a structure of chromosomes which are used in genetic algorithms. The author shows different structures and underlines the importance of obtained information. The structure of chromosome can present schedule of task, number of task which are to the workstation allocated, start and end times of the tasks. Using different structure it is possible to estimate the quality of the assembly line balancing. Different structure of chromosome allows to calculate very quickly and easy line efficiency, smoothness index or line time. Genetic algorithms are very popular for NP-hard problems and different descriptions give the possibility to use multi criteria methods for solution estimation.