

유전자 알고리즘을 이용한 멀티헤드 겐트리타입 칩마운터의 장착순서 최적화

이재영*, 박태형**

*충북대학교 대학원 제어계측공학과, **충북대학교 전기전자컴퓨터공학부

A Mount Sequence Optimization for Multihead-Gantry Chip Mounters Using Genetic Algorithm

Jae-Young, Lee*, Tae-Hyoung Park**

*Dept. of Control & Instrumentation Eng., Chungbuk National University

**School of Electrical & Computer Eng., Chungbuk National University

Abstract - We present a method to increase the productivity of multihead-gantry chip mounters for PCB assembly lines. To minimize the assembly time, we generate the mount sequence using the genetic algorithm. The chromosome, fitness function, and operators are newly defined to apply the algorithm. Simulation results are presented to verified the usefulness of the method.

1. 서론

최근 컴퓨터, 휴대폰, PDA(personal digital assistants ; 개인 휴대 단말기) 등 각종 전자제품 수요의 급증으로, 표면실장기술(SMT ; surface mount technology)을 이용한 인쇄회로기판(PCB ; printed circuit board)의 조립공정의 중요성이 증대되고 있다. 전체 인쇄회로기판의 조립공정을 SMT 인라인 시스템이라 하는데, 이 시스템은 표면실장형(SMD ; surface mount device) 부품을 인쇄회로기판에 조립하는 전자조립시스템으로서, 표면실장형 전자부품의 소형화, 고밀도화 등 부품제작기술의 발전과 조립라인 자동화 추세에 의해 현재 대부분의 전자제품 제조라인에서 채택되고 있다.[1]

SMT 인라인 시스템은 표면 실장형 부품을 인쇄회로기판에 조립하는 자동 조립라인으로써, 로더, 스크린 프린터, 디스펜서, 칩마운터, 리플로우어, 언로더 등의 장비가 직렬의 라인으로 구성된다. 이와 같은 여러 공정 중 가장 중요한 공정으로는 작업시간이 가장 오래 걸리는 칩마운터 공정이다. 칩마운터 공정은 적게는 수십 개에서 많게는 수천 개에 이르는 많은 개수의 부품을 장착하게 되므로, 장착방법과 순서에 따라 작업시간이 차이가 나게 되고, 이런 이유로 칩마운터의 작업시간을 줄이기 위한 많은 연구가 있었다.

칩마운터는 기본적으로 피더에서 부품을 흡착하여 보드 상의 지정된 위치에 부품을 장착하는 메커니즘을 가지며,

부품을 흡착 및 장착하는 헤드, 헤드를 이동시키는 프레임, 부품을 공급하는 피더 등으로 구성된다. 실장 메커니즘에 따라 여러 가지 방식이 있으며, 본 논문에서는 그림 1의 멀티헤드 겐트리형 칩마운터를 다루고자 한다. 겐트리형 X, Y 프레임에 여러 개의 조립헤드가 설치되어 있으며, 각 조립헤드에는 부품의 흡착-장착을 담당하는 공압 노즐이 부착된다. 각 헤드의 노즐은 자동노즐교환기(ANC: auto nozzle changer)에 의하여 작업 중 교환이 가능하다. 칩마운터의 전, 후열에 설치된 피더열에는 여러 개의 피더슬롯이 있으며, 각 피더슬롯에는 부품을 공급하는 피더가 설치된다. 조립헤드는 피더에서 부품을 흡착하고 PCB로 이동하여 부품을 장착하는 pick-and-place의 반복 운동을 수행한다. 이 때 피더와 PCB는 고정되어 있다. 멀티헤드 겐트리형은 여러 개의 부품을 동시에 흡착하고 이송할 수 있으므로, 조립헤드 수가 하나인 단일헤드 겐트리형에 비하여 조립시간을 크게 단축시킬 수 있다.[1] Yamaha 사의 YV100, 180 시리즈, Juki 사의 KE750, 760 시리즈, 삼성테크윈(주)의 CP40, 50 시리즈, 미래산업(주)의 MPS1020 시리즈 등이 대표적인 멀티헤드 겐트리형 칩마운터 모델들로서, 전자조립라인에서 매우 광범위하게 사용되고 있다.

칩마운터는 형태에 따라 두가지, 운용에 따라 세 가지로 나눌 수 있다. 형태에 따라서는 겐트리형의 경우, 싱글 헤드[2],[3],[4],[5]와 멀티 헤드, 운용방법에 따라 첫 번째는 각각의 칩마운터에 작업의 양을 골고루 분배하는 방법인 라인밸런스(line balance) 문제, 두 번째는 장착할 부품을 공급하는 피더의 재배치 문제, 세 번째는 장착순서를 변경함으로써 작업의 최적화를 꾀하는 방법[7]이 있고 물론 두가지나 세가지를 한번에 다룬 연구[6]도 있다.

멀티헤드 겐트리형의 최적화 방법을 다룬 연구 결과는 드문 편이다. 다른 형식의 칩마운터와 달리 문제 해결을 위해서는 부품 군 문제, 피더 배치 문제 및 장착순서 문제의 3가지 문제를 동시에 고려해 주는데 있어서의 어려움이 뒤따르기 때문이다.

이에 본 논문은 멀티헤드 겐트리형 칩마운터의 조립시간 단축을 위한 장착순서 변경방법을 제시한다. 장착순서의 개선을 통한 전체 조립시간의 단축을 최종 목적으로 한다. 모의 칩마운터를 대상으로 비교 시뮬레이션을 수행하여 제안된 방법의 유용성을 검증한다.

2. 문제의 정의

그림 2는 이 논문에서 대상으로 삼고 있는 멀티헤드 겐트리형 칩마운터의 작업에서 나타나는 모습이다. 한번의 사이클이 완성되기 위해서는 backward, pickup, forward, place의 과정을 거치게 되어 있고, 현재 그림에서는 세 개의 노즐을 가진 헤드의 모습을 보여주고 있다. backward의 과정은 빈 헤드가 부품을 장착하기 위하여 초기에 부품을 흡착할 피더로 이동하는 부분이고, 다음은 pickup과정으로 세 개의 노즐을 모두 사용하는 사이클일 경우 부품을 흡착하는데 ①, ②, ③의 과정을 거치게 된다. 흡착 순서는 한번에 하나의 부품이 될 수도 있고, 피더 간격과 헤드 간격이 일치하도록 설계되어 있기 때문에 동시 흡착이 가능한 부품이 배열되어 있는

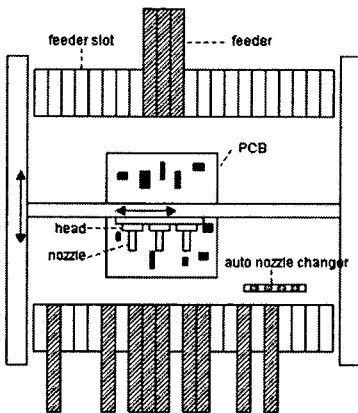
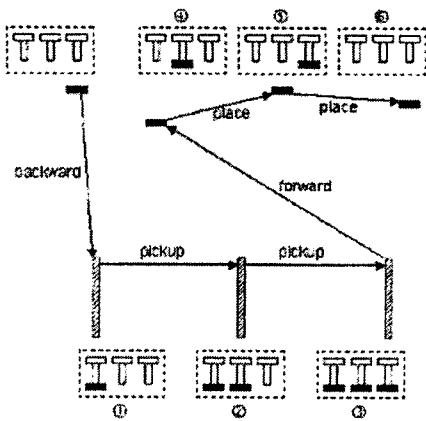


그림 1. 멀티헤드 겐트리형 칩마운터



①헤드1 흡착→②헤드2 흡착→③헤드3 흡착
→④헤드1 장착→⑤헤드2 장착→⑥헤드3 장착

그림 2. 조립 사이클(헤드 수 = 3인 경우)

부품군의 경우는 동시흡착도 가능하다. 그 다음은 처음 장착점의 위치로 이동하는 forward과정을 거치고, ④, ⑤, ⑥의 과정에서 흡착한 부품을 장착점에 장착하게 된다. 그리고 ⑥의 과정을 마친 후, 다시 부품을 흡착하기 위해 피더로 이동하는 것이 전체 하나의 사이클이 된다.

이 하나하나의 사이클들이 전체 사이클을 이루어 칩마운터의 전체 공정을 이루게 되는데, 여기서 적합도를 계산할 수 있게 된다. 칩마운터의 작업에서의 적합도는 같은 시간에 얼마나 많은 PCB를 생산할 수 있는가를 판단하는 기준이기 때문에 작업시간이 바로 적합도가 되는 것이다.

3. 최적화 알고리즘

유전자 알고리즘은 1975년 John Holland[10]에 의해 최초로 제안되었다. 이 알고리즘은 생물학의 진화론을 흉내 내어 만든 것으로, 반복적인 동작을 통하여 초기해를 변형, 선택하여 향상된 최종해를 얻는 하나의 확률적인 방법이다. 초기에 정의된 크기(Population)에 대하여 반복 작업이 수행되는 동안 확률적으로 더 좋은 값을 갖는 해는 살아남게 되고, 좋지 않은 값을 갖는 해는 소멸되는 적자생존의 법칙을 따른다. 반복되는 작업을 세대(Generation)라 하고, 전체 작업 크기 중 각각을 하나의 유전자 또는 염색체(Chromosome)라고 표현한다. 세대간 수행되는 연산으로서 선택(Selection)과 교배(Crossover), 돌연변이(Mutation)의 세가지 방법이 있다.

3.1. 염색체(Chromosome) 및 적합도(Fitness) 정의

그림 3은 이 논문에서 정의한 염색체이다. 그림에서 볼 때, 최상위에 있는 부분을 의미하는데, 각각의 번호는 작업순서(사이클)를 의미하고 작업순서는 다시 각각의 헤드의 작업 순서로 구분 지을 수 있다. 하나의 헤드가

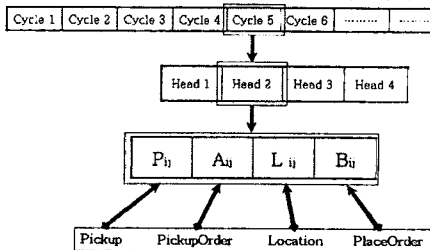


그림 3. 염색체 정의

최대 네 개의 부품을 흡착·장착할 수 있기 때문에 각각의 작업순서가 다시 각각 네 개의 헤드의 작업으로 나뉘어 지는 것이다. 하나의 헤드에는 다시 네 개의 데이터가 있는데, 장착할 부품번호가 들어있는 흡착, 흡착 순서, 장착점 정보가 들어있는 장착 위치, 장착 순서가 된다. 총 N개의 사이클이 있다고 가정할 때, 하나의 사이클에 대하여 네 개의 헤드, 하나의 헤드에 대하여 네 가지 정보가 존재하게 되고, P_{ij} , A_{ij} , L_{ij} , B_{ij} 는 각각 흡착 부품, 흡착 순서, 장착 위치, 장착 순서가 된다. 여기서 i는 사이클의 인덱스, j는 헤드의 인덱스를 각각 나타낸다.

적합도는 각각 달라지는 장착순서에 따른 전체 작업시간을 계산한다. 전체 작업시간은 크게 다음과 같이 구분할 수 있다.

- 부품흡착을 위한 부품 군으로의 이동(backward)
- 부품을 흡착시 이동(pickup)
- 부품 군에서 장착위치로의 이동(forward)
- 장착위치에서의 이동(place)

적합도는 a), b), c), d)의 시간의 합으로 이루어지기 때문에 다음과 식과 같이 나타낼 수 있다.

$$Fitness = T^{backward} + T^{pickup} + T^{forward} + T^{place}$$

3.2. 초기해 생성 및 선택 연산자

완벽한 전역적인 해는 아닐지라도, 국지적인 해에서 그대로 수렴하는 국지적인 해의 단점을 보완하고, 근사-최적해를 얻을 수 있도록 하기 위해서 초기해는 전체 작업 사이클에 대하여 임의로 생성하였다.

선택은 각 개체의 적합도를 이용하여 다음 세대의 집단을 새로 생성하는 연산을 말한다. 선택 방법에는 여러 가지가 있는데, 이 논문에서는 가장 일반적으로 사용되는 룰렛 휠 선택(Roulette Wheel Selection)을 사용하였다. 이는 전체 적합도에 대한 각각의 개체들의 상대 적합도를 확률적으로 계산하여 확률이 높은 개체가 다음 세대에 더 많이 선택되도록 하는 방법으로, 적합도가 높은 세대가 다음 세대에서 더 높은 선택 확률을 가지게 되므로 선택될 확률이 높아지게 되는 방법이다.

선택 연산자는 크게 두가지로 구분되어 사용되어지는데, 첫 번째는 초기 구성된 염색체에 대하여 적합도를 판단한 후, 확률에 따라서 확률이 높은 유전자(Gene)에 대하여 우선적으로 다음 세대에 생존하도록 작동하고, 두 번째는 세대별로 교배 연산자가 수행된 후 전체 염색체에 대하여 다시 한번 선택을 수행함으로써, 좀 더 나은 개체가 다음 세대에 출현할 수 있도록 만들어 준다.

3.3. 교배 연산자

교배 연산자로서는 순서 교배를 사용하였는데, 이는 두개의 부모를 선택한 후, 하나의 부모의 순서를 다른 하나의 자손의 생성에 적용하는 방법이다. 열성인 부모의 순서가 다음 세대에 나타나는 것을 배제하고, 우성인 부모의 순서를 다음 세대의 자손에 적용함으로써, 좀 더 나은 적합도를 갖는 자손을 생성할 수 있게 해 준다. 그림 4에서 순서 교배의 일례를 보여주고 있는데 간단히 설명하면 다음과 같다. 우선 P1과 P2가 부모염색체이고, O1과 O2가 다음 세대에 나타나게 되는 자손염색체이다.

① 부모 염색체 P1, P2를 임의로 선택한다.

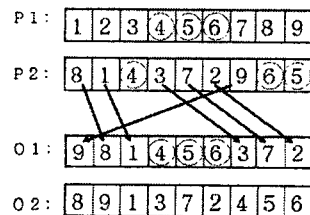


그림 4. 순서 교배 방법

- ② 각각의 염색체에 대하여 교배할 부분을 선택한다.
- ③ 교배할 부분(회색)은 자손에 그대로 생존하고, 나머지 유전자에 대해서는 다른 부모인 P2의 순서에 따라 O1을 생성해준다.
- ④ 교배할 부분으로 선택된 유전자중에서 증폭되는 유전자에 대해서는 건너뛰고, 그 다음 유전자에 대하여 순서를 적용하여 생성하여 준다. 물론, 이와 같은 방법으로 O2에 대해서는 P1의 순서를 적용, 새로운 염색체가 생성된다.

3.4. 돌연변이 연산자

교배 연산이 두 개 염색체의 좋은 점을 서로 적용할 수 있도록 탐색하는 방법이라면, 돌연변이 연산자는 하나의 염색체내의 유전자에 대하여 서로의 대립 유전자의 값으로 바꾸는 방법으로, 하나의 염색체로 새로운 하나의 염색체를 생성하는 국지적인 랜덤 탐색의 일종이다. 이 논문에서는 여러 가지 돌연변이 방법 중 교환의 방법을 채택하였다. 하나의 개체에 대하여 두개의 사이클을 선택한 후에 두개의 사이클을 서로 바꾸어주거나, 하나의 사이클 내에서 같은 부품일 경우는 장착점이 서로 다른 점에 착안하여, 같은 부품의 장착점을 서로 바꾸어주는 방법으로 수행하였다.

4. 시뮬레이션

적용한 유전자 알고리즘을 이용한 장착순서를 결정하였을 때의 성능을 평가하고 그 유용성을 검증하기 위하여 모의 칩마운터[10]를 대상으로 시뮬레이션을 수행하였다. 칩마운터의 헤드 수는 최대 4개이며, 헤드의 간격은 20mm로 설정하였다. 피더는 최대 32개씩 64개에 대하여 수행하였으며, 피더 사이의 간격은 여러 종류의 부품을 장착하는 인쇄회로기판의 경우 동시흡착이 가능하도록 10mm로 설정하였다.

알고리즘은 Microsoft사의 Visual C++로 제작되었으며, IBM-PC 호환기종 Pentium-IV급/MS-Windows XP환경에서 실행되었다.

그림 5는 이 논문에서 제작된 유전자 알고리즘의 장착순서 변경에 따른 결과를 확인하기 위하여 부품수를 하나로 줄이고, 피더수를 두개로 하여 유전자 알고리즘의 특징인 선택과 교배·돌연변이를 구분지어 수행하여 실험한 결과이다. 표 2와 표 3은 각각 실험대상으로 삼은 보드와 각각의 보드의 특징, 각각의 개선율을 보여주고 있다. 교배확률은 25%, 돌연변이확률은 10%로 실험하였다.

5. 결론

인쇄회로기판 조립라인에서 가장 많은 작업시간을 소요하는 칩마운터 공정에 대하여 작업시간 개선을 위하여 유전자 알고리즘을 이용한 방법을 제시하였다. 물론 적합도의 평균값은 전체적으로 수렴하는 형태(그림 5)를 보이는 것을 알 수 있다. 하지만 아직은 전체적인 수렴 정도가 너무 적기 때문에 보다 개선된 해를 찾기 위하여 앞으로 새로운 방법을 강구하여 연구를 지속할 예정이다.

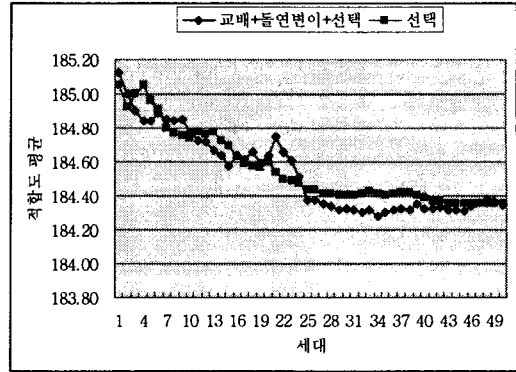


그림 5. 세대에 따른 적합도 평균의 변화

[참고 문헌]

- [1] 박태형, "전자조립용 CAM 시스템의 기술동향", 전자공학회지, 제26권 제3호, pp. 48-61, 1999.
- [2] M. C. Leu, H. Wong, and Z. Ji, "Planning of component placement/insertion sequence and feeder setup in PCB assembly using genetic algorithm", j. Electron. Packag., vol 115, pp. 424-432, 1993.
- [3] W. S. Wang, Peter C. Nelson, T.M. Tirpak, "Optimization of High-Speed Multistation SMT Placement Machines Using Evolutionary Algorithms", IEEE Trans. on Elect. Packag. Manuf., vol. 22, No. 2, April 1999.
- [4] Peter Csaszar, Peter C. Nelson, Rajan R. Rajbhandari, and Thomas M. Tirpak, "Optimization of Automated High-Speed Modular Placement Machines Using Knowledge-Based Systems", IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics-Part C : Applications and Reviews, vol. 30, No. 4, 2000.
- [5] R. Rajbhandari, P. Csaszar, p.Nelson, and T. M. Tirpak, "Optimization of automated high speed modular placement machines using expert systems", Tech Rep., AI Lab., Univ. Illinois, Chicago, 1998.
- [6] 박태형, "동적계획법에 의한 멀티헤드 젠트리형 칩마운터의 피더배치 최적화", 제어 자동화 시스템공학 논문지, 2002.
- [7] M. O. Ball and M. J. Magazine, "Sequencing of insertions in printed circuit board assembly", Oper. Res., vol. 36, No. 2, pp. 192-201, 1988.
- [8] A. Dikos, P. C. Nelson, T. M. Tirpak, and W. Wang, "Optimization of high-mix printed circuit card assembly using genetic algorithms", Annals Oper. Res., vol. 75, pp. 303-324, 1997.
- [9] Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs", Third, Revised and Extended Edition, Springer, 1996.
- [10] J.H. Holland, "Adaption In Natural and Artificial Systems, Ph.D. dissertation, Univ. Michigan, Ann Arbor, 1975.
- [11] 박기범, 박태형, "활용 페트리 넷트를 이용한 객체지향 기반의 칩마운터 시뮬레이터 구현", 제어 자동화 시스템 공학 논문지, 제 7 권, 제 6 호, pp.540-549, 2001.

Board No	Board Name	No of Comp.	No of Point
1	2MTray	7	11
2	TeachBox	7	48
3	Test	16	217
4	32Comp+Tray	36	104
5	2100top	43	111
6	DemoBoard	1	310
7	64Comp	64	132

표 2. 샘플 보드

Board No	Assembly Time(second)		Improvement Ratio(%)
	Initial Time	GA	
1	49.18	48.45	1.48
2	24.40	23.81	2.42
3	238.40	236.84	0.65
4	88.32	86.60	1.95
5	85.81	83.65	2.52
6	185.13	184.28	0.46
7	88.14	86.87	1.44

표 3. 조립 시간 비교