

# 配線問題における段階的詳細化を考慮した GA 配線手法について

咲間 由紀      新井 浩志

千葉工業大学 大学院工学研究科 電気電子情報工学専攻

## 1. はじめに

配線問題は、一般に迷路配線手法やダイクストラ法などを用いて解く場合が多い。これに対して様々な評価パラメータを考慮しながら並列的、かつ大局的に配線を求める為の手法として、遺伝的アルゴリズム(GA: Genetic Algorithm)を用いた手法が提案されている<sup>[1]</sup>。しかし従来のGA配線では、通過する順番にノード番号を並べたものを遺伝子表現として用いている為、単純な遺伝的操作を行うと致死遺伝子が多数発生してしまうという問題がある。そこで我々は、ノードを経由するか否かだけを表現したビット列を遺伝子とし、遺伝的操作で経由すべきノードを徐々に増やすことで、概略的な配線から詳細な配線へと進化させる方法を提案する。GAによる従来の配線手法では、10×10程度のメッシュサイズでの検証<sup>[1]</sup>しか行われていないが、本手法では50×50のメッシュの配線に適用し、有効性を評価した。

## 2. 配線モデル

本研究では、N×Nの大きさの矩形のメッシュ領域に対する一層配線を対象とする。以下ではNをメッシュサイズと呼ぶ。メッシュの交点をノードと呼び、 $(x, y)$  で表す。  $(x, y)$  中の数値は各ノードを識別するためのノード番号である。隣接するノード間の距離は一定とする。図1はメッシュサイズを4、ノード番号0番を始点ノード、15番を終点ノードとした時の配線例である。ここで、8,9番は他の配線で使用したノード(以下、障害物ノードと呼ぶ)である。

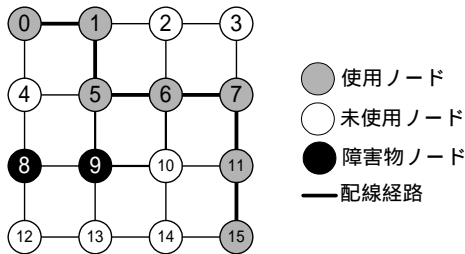


図1: 配線例

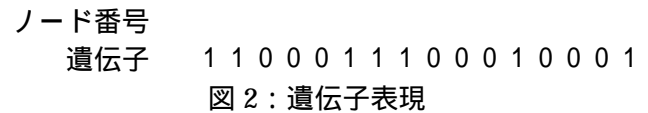
A GA based routing method with stepwise refinement.  
Yuki Sakuma, Hiroshi Arai  
Graduate School of Engineering Electrical, Electronics  
and Computer Engineering, Chiba Institute of Technology

## 3. 配線手法

本手法では以下に示す(1)~(4)手順に従って配線経路を決定する。

### (1) 初期個体生成

遺伝子座の番号とノード番号を対応させ、ノードを使用する場合は“1”、未使用の場合は“0”とするビット列で遺伝子を表現する。遺伝子長はN×Nとなる。例えば、図1に示す経路は図2の16ビットの遺伝子で表現される。



初期個体はランダムに生成する。概略的な配線から逐次詳細配線へと進化させるため、初期個体における“1”の発生割合は少なくする。

### (2) 遺伝的操作

#### ) 選択

ルーレット選択を用いて親個体を選択する。

#### ) 交叉

二次元メッシュ上でのノードの位置を考慮して交叉を行う。

#### ) 突然変異

まず、ランダムに1つのノードを選択する。そして以下のいずれかの操作を適用する。

A: 選択されたノードが未使用ノードの場合

- ・使用ノードにする

B: 選択されたノードが使用ノードの場合

- ・以下のいずれかをランダムに選択する。

- ・未使用ノードにする。

- ・未使用ノードにした後、周囲8個のノードから1つをランダムに選択し、使用ノードにする。

Aの操作を行う確率は遺伝子中の“0”の割合に比例する。初期個体は“1”の割合を少なく設定しているため、Aの操作を行う確率が高くなり、徐々に使用ノードを増やすことができる。

### (3) 評価

配線が経由すべきノード順に関する情報は遺伝子に含まれていない。このため、始点ノードから終点ノードまでのノード探索を行い、ノードの

経路順序を推定した上で評価値を決定する。

）配線経路の探索

参考文献<sup>[2]</sup>の評価手法を採用し、全てのノード間は繋がっていると仮定して経路を決定する。

配線経路の決定は始点ノードから始め、探索の基準ノードとする。基準ノードからマンハッタン距離に応じた幅優先探索を行い、最短隣接ノードの探索を行う。探索方向(上下左右)はランダムに決定する。最短隣接ノードが決定したのち、そのノードを新しい基準ノードとして次の最短隣接ノードの探索を行う。これを、終点ノードが最短隣接ノードとして選ばれるまで繰り返す。

）評価値の算出

経路探索で使用されなかったノード(以下、余りノードとする)の数と、基準ノードと最短隣接ノードの間の最短経路上に存在する障害物ノードを考慮して重み付けをする。具体的には以下の式(1)から評価値  $f$  算出する。

$$f = \sum_{i=1}^{m-1} (L(i) \times \alpha + p(i)\beta) + n\gamma \dots (1)$$

ここで、 $m$  は経路探索で使用した基準ノードの数、 $L(i)$ 、 $p(i)$  はそれぞれ  $i$  番目と  $i+1$  番目の基準ノード間の距離と、ノード間にある障害物ノードの数である。また、 $n$  は余りノード数、 $\alpha$ 、 $\beta$ 、 $\gamma$  はそれぞれ重み定数である。

(4) 余りノードの処理

遺伝的操作で使用ノードを徐々に増やしているため、世代が進むにつれて経路探索で使用されない余りノードが増えていく。使用ノードのみを考慮すれば優秀な遺伝子であったとしても、余りノードが増えることで評価値が悪くなり、選択されない場合が生じる。また、経路の迂回が増えて、遺伝子の劣化を招く。このため、一定の世代数毎に余りノードの消去を行う。

4. 実験結果

提案手法をC言語で実装して、PC(Pentium4 : 2.6GHz)上で有効性を確認した。使用したネットリストは参考文献<sup>[3]</sup>より引用した。個体数は 200 とし、300 世代連続して最良評価値の更新が無い場合を終了条件とした。メッシュサイズ 30, 40, 50 について人手で配線順序を最適化した場合とランダムに配線順序を決定した場合についての配線率と処理時間を表 1 に示す。実験結果より、配線率は配線順序に大きく依存することがわかる。配線順序をランダムに決定した場合、配線の

表 1 : 実験結果

メッシュサイズ	ネット数	配線順序	配線率 (%)	処理時間 (sec)
30	30	人手決定	100	152.8
		ランダム	57 ~ 80	215.2
40	40	人手決定	88	440.4
		ランダム	53 ~ 80	566.2
50	50	人手決定	92	954.4
		ランダム	66 ~ 82	1144.3

初期段階で配線長の長いものが選択されていたため、後の配線に影響が出て配線率に大幅なずれが生じている。

本手法では交叉、突然変異で徐々に使用ノードを増やすことで、配線経路の詳細化を行っている。図 4 は初期個体での“1”の発生率が 30% の場合の配線の進化過程を表したものである。

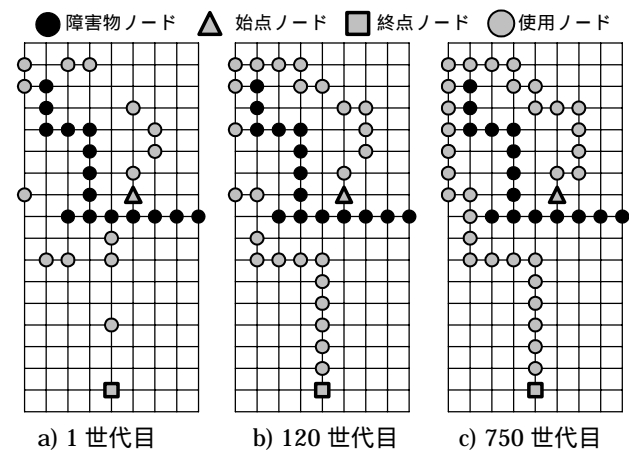


図 4 : 配線の進化過程

5. おわりに

本手法ではメッシュサイズ 50 で約 90% の配線率を得る事ができた。また、今後は配線順序についても GA を適用する事で、配線率の改善を期待できる。

参考文献

[1]馬炫 他 “最適配線経路選定問題に対する階層型遺伝的アルゴリズムの構成”, 信学論, Vol.J85-D-I, No.1, pp.21-30, 2002 .  
 [2]Y. Leung et al, “A genetic algorithm for the multiple destination routing problems”, IEEE Trans. Evolutionary Computation, Vol.2, No.4, pp.150-161, 1998.  
 [3]金杉 他 “遺伝的アルゴリズムを応用した迷路配線手法”, 情報処理学会研究報告, Vol.2000, No.108, pp7-10, 2000 .