

遺伝的アルゴリズムによるクロック配線手法

吉田 賢司 金杉 昭徳

埼玉大学工学部
〒338-8570 埼玉県浦和市下大久保 255

あらまし VLSI レイアウト設計の一過程であるクロック配線は、同期動作の妨げとなるクロックスキューの他、配線長、配線幅やビアの使用による信頼性の低下など、様々な問題を含んでおり、これらを考慮した配線手法が求められる。しかし、これら全てを考慮して配線を求めるには、複雑なプログラムが必要となる。そこで本稿では、構築が容易な遺伝的アルゴリズムにより、クロック配線の最適化を行う手法を提案する。

A Method of Clock Wiring with Genetic Algorithm

Kenji Yoshida Akinori Kanasugi

Faculty of Engineering, Saitama University
255 Shimo-okubo, Urawa, Saitama 338-8570, JAPAN

Abstract Clock wiring, which is a part of VLSI layout design, includes various factors to be considered. They are clock skew which prevents high speed operation of synchronized circuits, wire length, wire width, deterioration of reliance due to uses of vias, and so on. Therefore the method of wiring which should be considered these factors is required. However it is difficult to satisfy them all with a simple program. In this paper, we propose a method which finds the most suited solution for clock wiring problems and realizes easy construction of program with genetic algorithm.

1 はじめに

近年の微細化技術の進歩により、ゲート遅延が縮小され、より高速なシステムの構成が可能となった。だがゲート遅延の縮小は、配線遅延の相対的割合の増大を意味し、配線に関する様々な問題を考慮する必要が出てきた。特に同期式回路の高速化には、クロックスキューと呼ばれるクロックの分配先への到着時間のばらつきが障壁となる。クロックスキューのクロッ

ク周期に対する相対的割合が高まり、回路の誤動作を招き兼ねないからである。そこで本稿では、クロックスキューを最小限に抑えるために、クロックの各分配先への配線遅延が等しくなるよう、配線を行うことを考える。配線の際、スキューを抑えると共に考慮すべきこととして、

- (i) 障害領域を考慮した配線…素子内配線の存在

- (ii) ビア数の最小化…コスト増や信頼性低下を避ける
- (iii) 総配線長の最小化…一般信号線の収容性の向上
- (iv) バッファの挿入…太幅配線避ける (細配線幅に統一)、配線容量を抑える、迂回配線避ける

等が挙げられる。しかし、これら全てを満たす自動配線手法を考えると、複雑なプログラムが要求される。そこで本稿では、最適化問題解決の一手法で、構築が容易かつ高速といわれる遺伝的アルゴリズムにより、最適配線を試みる。

2 モデル

本稿では、図1に示すように、素子を配置する層と、水平、垂直方向用の配線層を別個用意したモデルを扱う。配線幅は層によって変えられるものとし、層間の接続にはビアを用いる。素子内の配線は配線層を使用するものとする。素子の位置、数は任意とする。挿入されるべきバッファは素子層に加えられる。クロックの供給元の位置は任意とする。

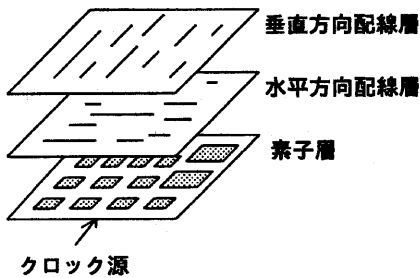


図 1: 配線領域モデル

3 遺伝的アルゴリズム

遺伝的アルゴリズムとは、生物の進化を計算機上に応用した、最適化、探索問題の求解の一

手法である。問題をモデル化し、コード化を行い、一状態をコードの集まりである遺伝子で表現する。遺伝子に対し、モデルの環境に応じ予め決められた基準に従って評価を行う。遺伝子の集まり (集団) に対し、遺伝的操作 (交叉、突然変異) を行うわけだが、評価の良い遺伝子程、交叉に参加されやすく、優秀な子孫を残す工夫を施す。そして世代を重ねるごとに、環境により適した遺伝子が生まれて行く、というものである。特長としては、大域探索をするため局所解に陥りにくいことがある。しかしコード化の違いによる探索力の変化、各種パラメータの決定法の不確定性などがあり、経験に基づく導入が必要となる。図2に、遺伝的アルゴリズムの流れを簡単に示す。

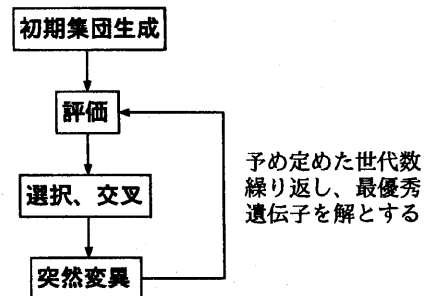


図 2: 遺伝的アルゴリズムの流れ

4 提案する配線手法

4.1 準備

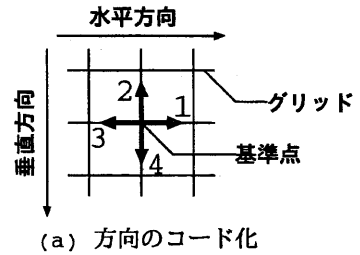
4.1.1 配線領域のグリッド化

本稿の実験に用いるモデルでは、水平、垂直各1層で、両層とも配線幅を同じとする。

モデルの水平、垂直2つの配線層に、等間隔にグリッドを定める。グリッドの間隔は両層同じとする。2層間の接続は、互いの層平面の垂線上に配線が重なる位置のみ可能とする。1最小配線単位を配線セグメントと呼ぶこととする。

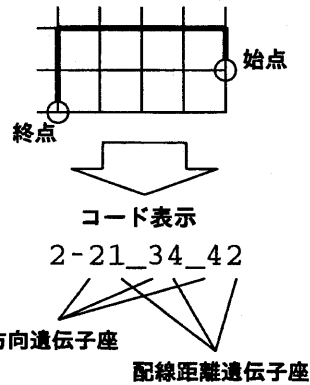
4.1.2 配線遅延、容量の扱い

配線遅延には、配線の長さによる遅延と、バッファでのゲート遅延や、ビアでの遅延が含まれる。また、配線幅の違いによって遅延は異なる。本稿では、バッファの挿入を行っていないため、バッファのゲート遅延は考えず、また配線容量も考慮していない。ビアでの遅延については、クロック源から各供給先へのビアの使用数を統一させることで対処する。つまり、配線長を統一することで、配線遅延を統一させる。



4.1.3 配線禁止領域の決定

素子内配線により、配線層にクロック配線できない領域が生じる。本稿では、配線セグメントを単位に、この領域をランダムに発生させる。



4.2 遺伝的アルゴリズムの適用

4.2.1 コード化、遺伝子の構成

配線を、方向と距離に分けてコード化する。方向は、図 3(a) に示すように、1~4 のコードで表し、距離はそのままコードとして表す。1 素子の配線をコードで表した例を図 3(b) に示す。方向遺伝子座、配線距離遺伝子座の 1 セットが 1 配線単位となる。コードの先頭に配線の際の曲がり角数をつけているが、これはあくまで、計算機上での処理の簡略化を図るためのものである。始点を素子、終点をクロック源に対応させる。全ての素子への配線のコードの集まりを 1 まとめたものを遺伝子として扱う。

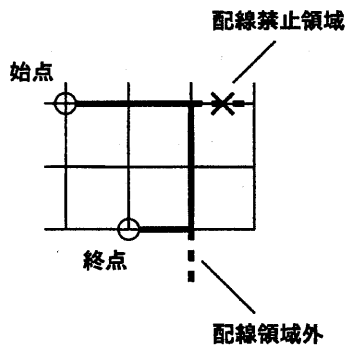
図 3: コード化

4.2.2 遺伝子の評価

以下の 2 段階に分けて、遺伝子の評価を行う。

(a) 配線状況のチェック

- (i) 配線禁止領域を通っているか
 - …配線禁止領域、または配線領域外に配線しようとする場合には、その手前で配線が止まるよう遺伝子を修正する。図 4 にその例を示す。



修正前 2-13_46_31
修正後 2-12_42_31

図 4: 配線距離遺伝子座の修正

- (ii) 同一配線セグメントの1素子配線による2度使用があるか
 …本稿では、水平垂直各1層での配線のため、1素子の配線において、同じ配線セグメントを二度以上しようすることは有り得ない。従って、二度以上の同一配線セグメントの使用がある場合、この部分を使用している遺伝子座を削除する。図5にその例を示す。

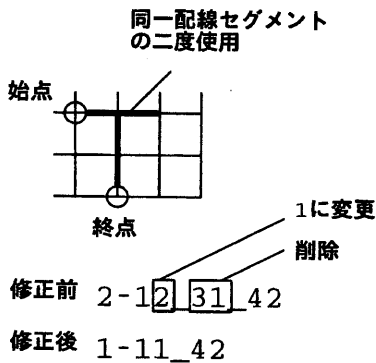


図5: 同一配線セグメントの二度使用の禁止

- (iii) 0 遺伝子座の削除
 …遺伝子修正の段階で、0 の配線距離遺伝子座が発生する場合がある。0 の遺伝子座は、意味を成さないの、方向遺伝子座と併せてこれを削除する。
- (b) 評価値の算出
- (i) 素子-クロック源間が接続されているか
 …各素子の配線の終点とクロック源とのマンハッタン距離 (x_1) に重み (P_1) を掛けたものの和で、この項の評価値を出す。
- (ii) クロックスキュー
 …クロック源からマンハッタン距離の最も大きな素子への配線長を基準長として、各素子への配線長の、基準長との絶対差 (x_2) に重み (P_2) を掛けたものの和で、この項の評価値を出す。
- (iii) 使用ビア数のばらつき度
 1 素子の配線あたりに使用しているビア

数の平均値と、各素子の配線のビア使用数との差の絶対値を各々とり、これの和 (x_3) に重み (P_3) を掛けた値を、この項の評価値とする。

- (iv) 全体のビア数
 配線領域全体で使用するビアの数 (x_4) に、重み (P_4) を掛けた値を、この項の評価値とする。
- (v) 総配線長
 配線領域全体での総配線長 (x_5) に、重み (P_5) を掛けた値を、この項の評価値とする。

よって一遺伝子全体の評価値 F は、以下の式で表される。

$$F = P_1x_1 + P_2x_2 + P_3x_3 + P_4x_4 + P_5x_5$$

4.2.3 選択及び交叉

交叉を行う 2 対の遺伝子を、集団の中から選択する方法として、トーナメント選択を用いる。トーナメント集団数は、最大 N_{tpx} とする。ここでは、評価値の低い (優秀な) 遺伝子ほど選択されやすい。

交叉は一様交叉を用いる。曲り角数の遺伝子座は、交叉を行わない。交叉を行う組の数は、1 世代につき集団数の半分である。図6に交叉の例を示す。マスクパターンの長さは、2 遺伝子の短い方の遺伝子長に合わせ、確率 R_{cr} で 1 を発生させる。このパターンが 1 の遺伝子座で交叉を行う。

4.2.4 突然変異

- (i) 遺伝子座の変異
 …確率 R_{m1} にて、ある遺伝子座のコードをランダムに変える。ただし、方向遺伝子座と配線距離遺伝子座のみ行う。
- (ii) 遺伝子座の入れ換え
 …1 配線単位ごとに、確率 R_{m2} にて、遺伝子座の位置をランダムに入れ換える操作を行う。この操作の例を、図7に示す。

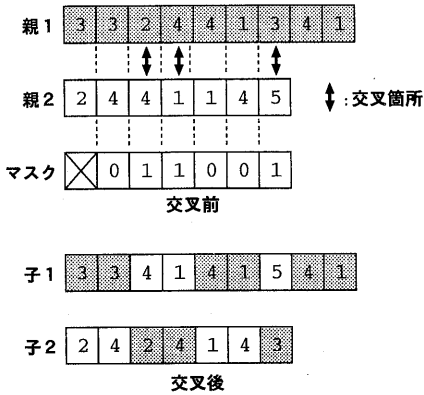


図 6: 交叉例

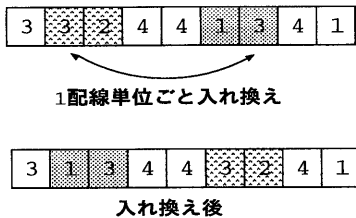


図 7: 遺伝子座の入れ換え

(iii) 遺伝子座の追加

…1 配線単位を確率 R_{m3} でランダムに遺伝子に付け加える。ただし、曲がり角数の制限 (N_{cr}) を超えない範囲で行う。

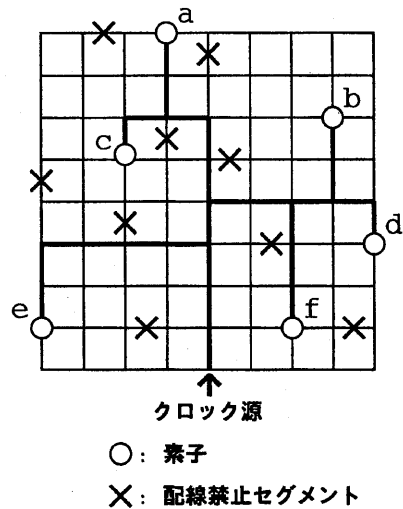
4.2.5 エリート保存

評価の良い優秀な遺伝子を、上位から N_e 個保存し、突発的遺伝操作の対象から外す。

5 計算機実験

配線領域の設定を水平垂直方向グリッド数各 9、素子数 6 とする (図 8)。また、このときの人手で求めた理想配線図を図 8 に示している。

続いて、図 8 に示した配線領域において、提案手法による最適配線を行う。遺伝的アルゴリズムの適用の際、設定した諸パラメータ値を表



配線状況評価	
スキュー: 0	総ビア数: 10
総配線長: 27	ビア使用数のばらつき度: 0

図 8: 配線領域の状況と理想配線図

1 に示す。また評価に関わるパラメータを表 2 に示す。計算機実験を 10 回行った結果、評価の理想値 27 に対し平均値 55、最良値 39 を得た。なお計算機は、HP 9000/755 を用い、1 回当たりの計算時間は 346 秒であった。

ここで、最良解を得た時の世代と評価値の関係を図 9 に示し、この時の配線状況を図 10 に示す。

図 9 では、世代が進むにつれ、遺伝子の評価が良くなっていく様子が伺える。ここでは、世代を 4500 で打ち切り、最優秀遺伝子 (評価値 39) を取り出した。続いて、図 8 の理想配線図と図 10 を比較すると、提案手法による結果は、素子 a~e までは理想的配線を示したが、素子 f の配線において、基準配線長は満たしているものの、ビア数、総配線長の点が理想的になっていない。しかし、素子 f が図 8 の通りに配線されたケースもあり、実験回数を重ねれば最適解を得られる可能性は十分にある。

表 1: 諸パラメータの値

パラメータ名	値
世代数: N_g	4500
集団数: N_p	50
一様交叉率: R_{cr}	0.33
突然変異率 (i): R_{m1}	0.07
突然変異率 (ii): R_{m2}	0.03
突然変異率 (iii): R_{m3}	0.2
エリート数: N_e	10
トーナメント最大集団数: N_{tpx}	6
曲がり角最大数: N_{cx}	6

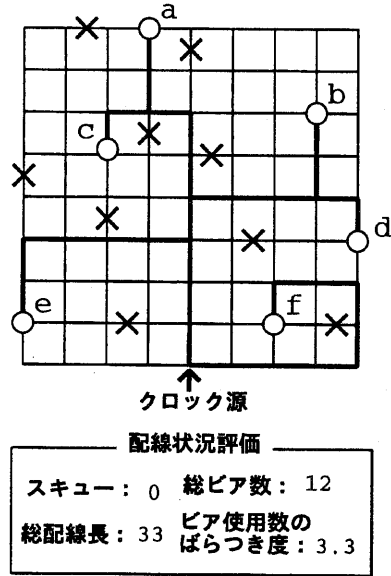


図 10: 提案手法による配線結果

表 2: 各評価項目の重みの値

各評価項目の重み	値
P_1	10
P_2	6
P_3	1
P_4	1
P_5	0.25

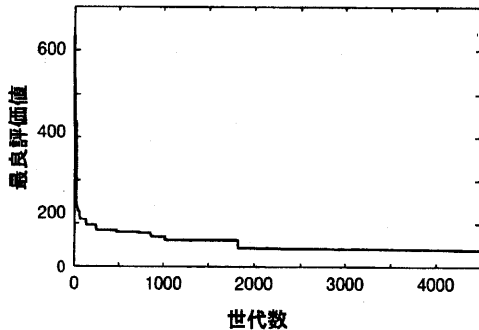


図 9: 世代数と評価値の関係

6 まとめ

配線禁止領域を考慮したクロック配線について、各素子への配線長や使用ビア数を統一すること、総配線長を最小化するための配線手法を提案した。この手法により計算機実験を行った結果、全ての考慮項目が最適化されるには至らなかった。パラメータ値等の再考を含め、実験回数を重ねる必要がある。また本手法では、バッファの挿入を行っておらず、この方法について今後検討する。

参考文献

- [1] 伊庭 斉志, “遺伝的アルゴリズムの基礎”, オーム社, 1994
- [2] 中澤 喜三郎, 中村 宏, “VLSI システム設計”, 丸善, 1995
- [3] 福田, 枝広, 油井, 山崎, 石塚, “バッファ挿入を伴う等遅延クロックツリー生成アルゴリズム”, 情報処理学会, 設計自動化研究会資料, DA76-5, 1995