

遺伝的アルゴリズムを用いた詳細配線手法

金杉 昭徳 島山 崇

埼玉大学 工学部 電気電子システム工学科

〒338 浦和市下大久保255

TEL/FAX 048-858-3473

E-mail: kanasugi@super.ees.saitama-u.ac.jp

あらまし

遺伝的アルゴリズムは、生物の進化の過程を模倣した最適化アルゴリズムである。この手法は、解の候補を染色体と呼ばれる配列形式で表現した後、交叉、突然変異等の遺伝的操作を繰り返すことにより、解の改善を図るものであり、大域的探索に優れるという特長を持つ。

一方、詳細配線におけるスイッチボックス配線は、チャンネル同士が交差する領域であるため配線は複雑になり、またレイアウトの最終段階で行われることから、高い配線率が要求される。そこで本論文では、遺伝的アルゴリズムを用いた詳細配線手法を提案し、計算機実験により有効性を示す。

キーワード 詳細配線, スイッチボックス, 遺伝的アルゴリズム, CAD

A Genetic Algorithm for Detailed Routing Problem

Akinori KANASUGI and Takashi SHIMAYAMA

Department of Electrical and Electronic Systems,
Faculty of Engineering, Saitama University

255 Shimo-okubo, Urawa, 338 Japan

TEL/FAX 048-858-3473

E-mail: kanasugi@super.ees.saitama-u.ac.jp

Abstract

This paper presents a novel genetic algorithm for detailed routing problem. Genetic algorithm is an optimization method which is based on mechanics of natural selection and genetics. The principle of presented method and the results of computer experiments are discussed in detail.

key words detailed routing, switchbox, genetic algorithm, CAD

1 まえがき

遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm) は、生物の進化の過程にヒントを得た最適化アルゴリズムの一つであり、大域的探索に優れるという特長を持っている [1][2]。この手法は、解の候補を染色体と呼ばれる配列形式で表現 (コード化) した後、交叉、突然変異等の遺伝的操作を繰り返すことにより、解の改善を図るものであり、集積回路の配置問題 [3] やチャネル配線問題 [4][5][6] への応用についても報告されている。しかしながら、スイッチボックス配線への応用については報告が見受けられない。

スイッチボックスは、チャネル同士が交差する領域であるため、配線は複雑になり、また詳細配線段階で行われることから、高い配線率が要求される。そこで本論文では、大域的最適解探索に優れた遺伝的アルゴリズムを用いた配線手法を提案し、さらに計算機実験により有効性を示す。

2 遺伝的アルゴリズムの概要

遺伝的アルゴリズムでは、対象としている問題の解候補を生物の染色体を模倣した1次元配列形式にコード化し、ランダムに生成された初期集団に対して、交叉、突然変異、評価、選択という操作を繰り返し適用することによって、最適解を探索する方法である。以下に各操作について述べる。

コード化 対象とする事柄を遺伝的アルゴリズムで扱えるように染色体形式で表現する。

初期集団の生成 ランダムなモジュールの並びを持った複数の個体を生成し、これを初期集団とする。初期集団は、第1世代の親の集団となる。

選択 集団の中から、2つの個体を選択する。選択の仕方は、適応度の高い優秀な個体ほど選ばれやすくする。

交叉 選択された2つの個体から、それぞれの特徴を受け継いだ子となる個体を生成する。交叉においては、親の優れた性質 (スキマタ) を壊すことなく子に継承させることが重要である。

突然変異 突然変異は、一部の個体に対してランダムに配列の要素を操作する。この操作によって、交叉、選択だけでは作りだせない個体を作り出し、新たな解の探索を可能にする。

評価 集団に含まれている各個体を適応度により評価する。この評価値によって、次の世代での交叉に加われる確率が異なるようにして、より優秀な個体が残るようにする。

これらの選択、交叉、突然変異を一世代として、これを予め定められた世代数実行し、最終的に得られた解の中で、最も優秀な解を最終解とする。

3 提案する配線手法

詳細配線では、配線の順序が結果に大きく影響する。図1に例を示す。(a)はa-a'を先に配線した例、(b)はb-b'を先に配線した例であり、(b)の場合はa-a'が未結線になる。

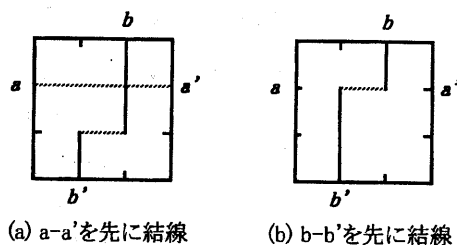


図 1: 配線順序の影響

一方、提案する遺伝的アルゴリズムを用いた手法は、予め全てのネットの配線経路を仮定して、その良否を判断するので、配線順序の問題は存在しない。しかしながら、コード化、交叉などの遺伝的操作を適切に行わない

と、ランダムサーチと同じことになり、求解が困難になる。

以下では提案する配線手法について、配線モデル、コード化、交叉手法、突然変異、評価関数、初期集団の生成に分けて述べる。

3.1 配線モデル

本論文で扱う配線モデルは2層とし、各層の配線は水平方向もしくは、垂直方向だけに限定する。

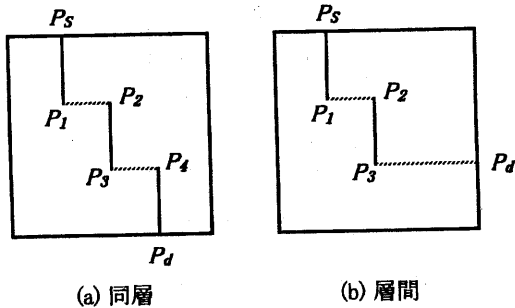


図 2: 配線の分類

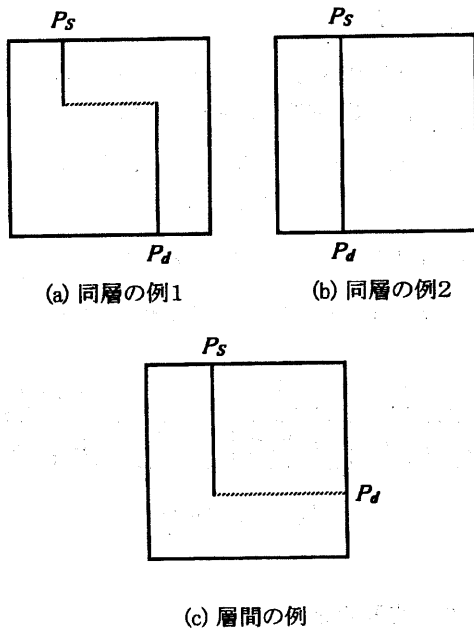


図 3: 点 (ビア) が重複している例

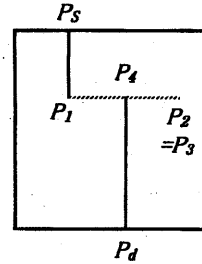


図 4: 無駄な配線が生じる例

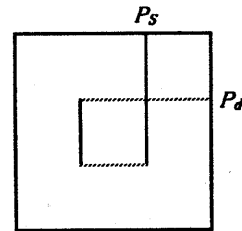


図 5: ループが生じる例

配線を図2に示すように、(a)同層、(b)層間の2種類に分類する。そして、同図に示すように配線パターンを限定して、配線を実行する。すなわち、(a)の場合では、始点 P_s と終点 P_d の間を $P_1 \sim P_4$ の4点(ビア)を通過する配線パターンに限定し、(b)の場合は、 $P_1 \sim P_3$ の3点を通過する配線パターンに限定する。ただし、図3のような例外があるが、これらは図2において、点が重複しているものと見做して統一的に扱う。

また図4に示すように、無駄な配線が生じる場合がある。本論文においては、このような配線は無条件に削除している。また、図5に示すようにループを形成する場合もある。このようなループは配線効率の面では好ましくないが、配線長の調整に利用できる可能性があると考え、敢えて削除する処理は行わない。

3.2 コード化

コード化は、交叉において致死遺伝子が生ぜず、かつスキマタが壊れにくいことが望ま

しい。

コード化の準備として、配線パタンの座標を整理した結果を図6に示す。同図から、以下のパラメータを求めれば良いことが分かる。

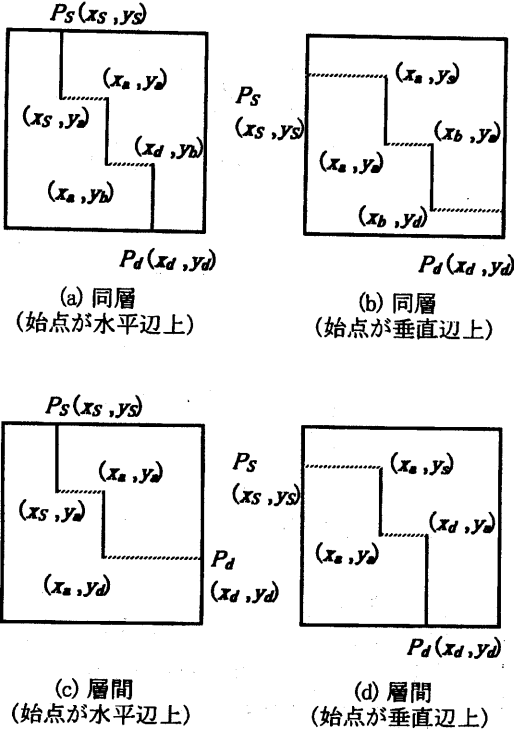


図6: 配線パタンの座標

1. 同層で始点 P_s が水平辺上にある場合 ...
 x_a, y_a, y_b
2. 同層で始点 P_s が垂直辺上にある場合 ...
 x_a, y_a, x_b
3. 層間で始点 P_s が水平辺上にある場合 ...
 x_a, y_a
4. 層間で始点 P_s が垂直辺上にある場合 ...
 x_a, y_a

したがってコード化として、 (x_a, y_a, w) を単位とし、これをネット本数だけ並べる方法が考えられる (ただし w は、上記1.の場合は

y_b , 2.の場合は x_b と解釈し, 3., 4.の場合は無視する)。

しかしながら、配線経路の探索においては、 x_a, y_a を別個に変えるよりも同時に変えて探索した方が効果的だと思われる。そこで本論文では、 (x, y) 座標を遺伝子にするのではなく、スイッチボックス上に設定したグリッド番号 (図7) を用いる。

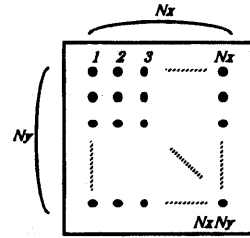


図7: グリッド番号

したがってコード化としては、座標 (x_a, y_a) に対応するグリッド番号を G_a, x_b もしくは y_b に対応するグリッドを G_b として、 (G_a, G_b) をネット本数分並べる方法を採用。ただし、 G_b の扱いは以下のようにする。

1. 同層で始点 P_s が水平辺上にある場合 ...
 G_b の y 座標成分を y_b として用いる。
2. 同層で始点 P_s が垂直辺上にある場合 ...
 G_b の x 座標成分を x_b として用いる。
3. 層間の場合 ... G_b は無視する。

本論文で用いるコード化を図8に示す。

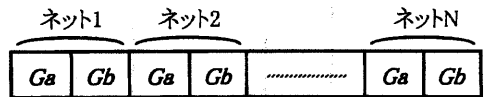


図8: コード化

3.3 交叉手法

交叉手法は一様交叉を用いる。これは、2つの染色体の同一遺伝子座の遺伝子をランダム

に相互に交換する交叉手法である。本手法においては、2種類の配線結果において、同一ネットにおけるビアを相互に入れ替えることに相当する。

3.4 突然変異

遺伝子をランダムに書き換える操作であり、本手法においては、ビアの位置を変更する操作になる。ただし、 G_b に関しては、その x 成分もしくは、 y 成分しか用いないため、突然変異を行っても配線形状が変わらない場合もある。

3.5 評価関数

ここでは、式(1)により評価する。

$$f = \exp \left\{ - \left(\alpha \frac{L_d}{L_m} + \beta \frac{V_d}{V_m} + \gamma \frac{L_t - L_m}{L_m} \right) \right\} \quad (1)$$

ここで、 L_d は異なるネットが重なっている長さ、 L_t は総配線長、 L_m は最短総配線長、 V_d は異なるネットのビアが重なっている個数、 V_m は最少ビア数、 α 、 β 、 γ は、重み付けの定数である。ただし、 L_m は、結線すべき端子間のマンハッタン距離の総和とし、また V_m は、同層配線のネット本数を N_I 、層間配線のネット本数を N_L としたとき、

$$V_m = 4N_I + 3N_L \quad (2)$$

により見積もっている。

3.6 初期集団の生成

初期集団は、ランダム値でも可能であるが、収束を早めるために、以下の初期値を混入する。

1. 同層で始点 P_s が水平辺上にある場合... m を $1 \sim N_y$ の乱数として、

$$G_a = (x_s, m), G_b = (x_d, m) \quad (3)$$

2. 同層で始点 P_s が垂直辺上にある場合... n を $1 \sim N_x$ の乱数として、

$$G_a = (n, y_s), G_b = (n, y_d) \quad (4)$$

3. 層間で始点 P_s が水平辺上にある場合

$$G_a = (x_s, y_d) \quad (5)$$

4. 層間で始点 P_s が垂直辺上にある場合

$$G_a = (x_d, y_s) \quad (6)$$

すなわち、与えられた配線を図3のような単純な経路で結線できると仮定した解である。しかしながら、解の探索範囲を狭めないように、初期集団の半数は全くランダムな初期値を用いる。

4 計算機実験

提案した手法の有効性を確認するため、計算機実験を行った。Windows95のVisual Basicを用いて実装し、DOS/Vパソコン(Pentium 133MHz)で実行した。

最初に、グリッドサイズ 10×10 、ネット10本の条件で、10種類のネットリスト($a \sim j$; 乱数で生成)の配線を実行した結果を表1に示す。

表 1: 100%配線が得られた確率と世代数

Netlist	P_s [%]	G_{min}	G_{max}
a	70	30	-
b	100	5	30
c	100	22	70
d	100	2	5
e	40	6	-
f	50	19	-
g	100	3	53
h	0	-	-
i	10	135	-
j	40	20	-

ここでは各ネットリストについて10回ずつ実行し、100%配線が得られた確率(P_s)と必要とした世代数(G_{min} :最短、 G_{max} :最長)を示した。なお、この実験では総配線長は考慮してい

ない ($\gamma = 0$)。遺伝的アルゴリズムに関するパラメータは、個体数100, 突然変異率0.02, エリート保存数20, 最長世代数200とし、式(1)の定数は、 $\alpha = \beta = 10$ とした。実行時間は、1世代あたり、約0.05秒であった(コンパイラ使用)。また表中、“.”で示した個所は、200世代までに100%配線が得られなかったことを示す。

100%配線が得られた確率と世代数には、かなりばらつきが生じた。その理由としては、ネットリストを乱数により生成したため、問題の難易度に差があったこと、またGAが乱数を用いるため、結果が乱数の出方に影響されることが考えられる。

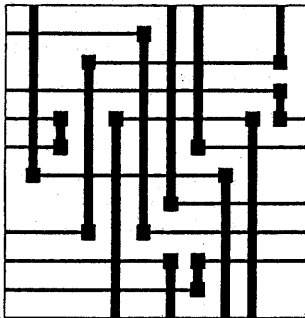


図 9: 配線結果の一例 (サイズ 10×10 , ネット 10本)

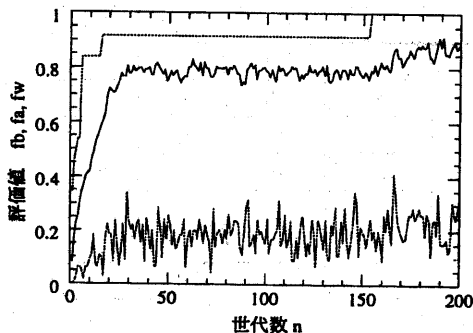
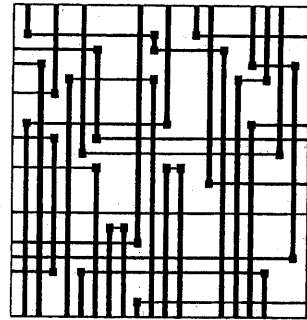
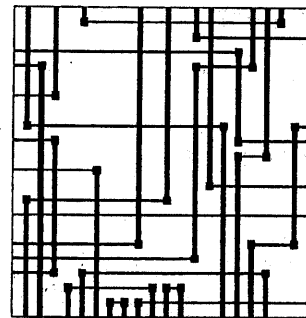


図 10: 世代数と評価値の関係

図9にネットリストaの配線結果例を示す。また図10は、図9の例における世代数と評価値



(a) 配線長を考慮しない場合 ($\gamma = 0$)



(b) 配線長を考慮した場合 ($\gamma = 1$)

図 11: 配線結果の一例 (サイズ 20×20 , ネット 20本)

の関係を示すものであり、上から最良値, 平均値, 最悪値を示す。

次に、グリッドサイズ 20×20 , ネット 20本の条件で、配線を実行した結果例を図11に示す。(a)は、配線長を考慮しない場合 ($\gamma = 0$), (b)は、配線長を考慮した場合 ($\gamma = 1$)である。解が得られた世代数は、それぞれ、42世代, 100世代であり、1世代あたりの計算時間は、約0.13秒であった。

続いて、グリッドサイズ 30×30 , ネット 30本の条件で、配線を実行した結果例を図12に示す。この例では、配線長を考慮していない。103世代で100%配線が得られ、1世代あたりの計算時間は、約0.25秒であった。

最後に、Bursteinのスイッチボックス問題

(グリッドサイズ 23×15 , ネット24本)[7]を実行したが, 2本の未配線が生じ, 100%配線は得られなかった。主な理由として, 1配線あたりのビア数を限定しているために配線経路の自由度が低いこと, 各層における配線方向を限定していること, 等があげられる。結果を図13に示す。この例では, 個体数500で実行し, 13世代で飽和した。なお, 端子を3つ以上含むネットは2端子のネットに分割して実行した。

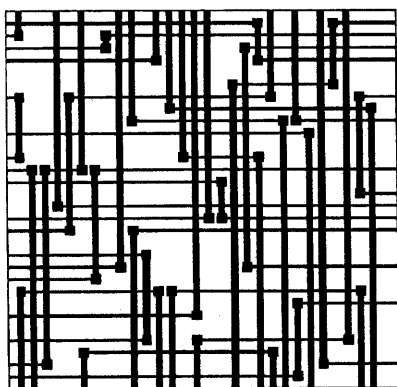


図 12: 配線結果の一例 (サイズ 30×30 , ネット30本)

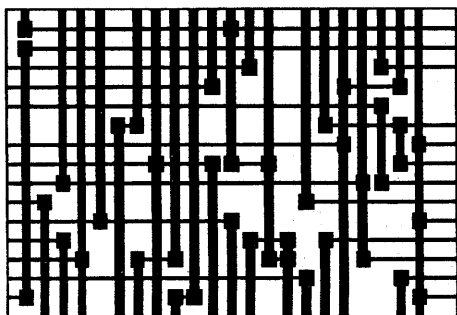


図 13: Burstein のスイッチボックス問題

5 むすび

詳細配線問題として, 特にスイッチボックス領域の配線を, 遺伝的アルゴリズムを用いて実行する手法を提案し, 計算機実験により有効性を示した。しかしながら本手法は, 難解な問題に対してはまだ改良の余地がある。また本手法だけで大規模な配線を実行することは, 計算時間の面から不利なので, 他の高速な方法による結果を初期集団に取り入れる等の改良も検討したい。

参考文献

- [1] 北野宏明: “遺伝的アルゴリズム”, 産業図書(1993)
- [2] 石田, 村瀬, 小山: “遺伝的アルゴリズムの基礎と応用”, 森北出版(1997)
- [3] J. P. Cohoon and W. D. Paris: “Genetic Placement”, *IEEE Trans. CAD*, Vol. 6, No. 6, pp. 956-964 (1987)
- [4] 谷口, 劉, 坂本, 島本: “遺伝的アルゴリズムを用いたチャンネル配線の試み”, *信学論*, vol.J76-A, No.9, pp.1376-1379 (1993)
- [5] A. T. Rahmani and N. Ono: “A Genetic Algorithm for Channel Routing Problem”, *Proc. of the 5th Int. Conf. on Genetic Algorithms*, pp. 494-498 (1993)
- [6] V. N. Davidenko, V. M. Kureichik and V. V. Miagkikh: “Genetic Algorithm for restrictive Channel Routing Problem”, *Proc. of the 7th Int. Conf. on Genetic Algorithms*, pp. 636-642 (1997)
- [7] M. Burstein and R. Pelavin: “Hierarchical Wire Routing”, *IEEE Trans. CAD*, Vol. CAD-2, No. 4, pp. 223-234 (1983)