

논문 2004-42TE-1-1

4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘

(A Genetic Algorithm for 4-layer Channel Routing)

김 현 기*, 송 호 정**, 이 범 근***

(Hyun-Gi Kim, Ho-Jeong Song, and Beom-Geun Lee)

요 약

채널 배선은 VLSI 설계 과정중의 하나로, 글로벌 배선을 수행한 후 각 배선 영역에 할당된 네트들을 트랙에 할당하여 구체적인 네트들의 위치를 결정하는 문제이며, 네트들이 할당된 트랙의 수를 최소화하는 문제이다. 본 논문에서는 4-레이어 채널 배선 문제에 대하여 유전자 알고리즘(genetic algorithm; GA)을 이용한 해 공간 탐색(solution space search) 방식을 제안하였으며, 제안한 방식을 기존의 4-레이어 채널 배선 알고리즘과 비교, 분석하였다.

Abstract

Channel routing is a problem assigning each net to a track after global routing and minimizing the track that assigned each net. In this paper we propose a genetic algorithm searching solution space for 4-layer channel routing problem. We compare the performance of proposed genetic algorithm(GA) for channel routing with that of other 4-layer channel routing algorithm by analyzing the results of each implementation.

Keywords : genetic algorithm, 4-layer channel routing

I. 서 론

VLSI(Very Large Scale Integration) 설계 기술의 빠른 발달로 회로 설계는 점점 더 복잡해지고, CAD (Computer Aided Design) 틀에 대한 의존도 또한 더 높아지고 있다. 자동 레이아웃은 VLSI 칩 상에 모듈들의 위치를 결정하는 배치와 각 모듈 간을 상호 연결하는 배선 두 가지의 중요한 기능으로 구성되어 있으며, 이 두 가지의 기능을 수행하는 알고리즘의 성능에 따라 VLSI 칩의 성능과 면적이 크게 바뀔 수 있다. 배치와 배선은 밀접한 관계가 있지만, 그들의 계산상 복잡도

때문에 개별적으로 문제를 해결한다. 그러므로, 배치 알고리즘은 다양한 배치에서의 배선 복잡도를 추정하기 위하여 대략적인 계산 방법을 사용하여 가장 낮은 배선 복잡도를 가지는 배치를 선택하며, 배선 알고리즘은 주어진 배치 결과를 가지고 각 네트들의 정확한 배선을 수행한다^{[1][2]}.

본 논문에서는 VLSI의 설계 과정 중 글로벌 배선을 수행한 후 각 배선 영역에 할당된 네트들을 트랙에 할당하여 구체적인 네트들의 위치를 결정하는 채널 배선 문제 중, 4-레이어 채널 배선 문제에 대하여 유전자 알고리즘^{[3]-[6]}을 이용한 해 공간 탐색 방식을 제안하였으며, 이 방식을 다른 4-레이어 채널 배선 알고리즘^{[7]-[10]}과 비교, 분석하였다.

본 논문에서 제안한 4-레이어 채널 배선 알고리즘은 네트리스트 분할 유전자 알고리즘과 2-레이어 채널 배선 알고리즘으로 구성되며, 이 두 가지 알고리즘을 사용한 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘으로 배선을 수행하게 된다.

* 정회원, 극동정보대학 정보통신과
(Keukdong College, Dept. of Information Communication)

** 정회원, 충북대학교 컴퓨터공학과
(Chungbuk National University, Dept. of Computer engineering)

*** 정회원, 극동정보대학 디지털정보과
(Keukdong College, Dept. of Digital Information)

접수일자: 2004년12월15일, 수정완료일: 2005년1월19일

II. 네트리스트 분할 유전자 알고리즘

네트리스트 분할 유전자 알고리즘은 4-레이어 채널 배선 문제를 해결하기 위하여 네트리스트를 두 개의 그룹으로 분할하는 알고리즘이다. 즉, 네트리스트 분할 문제는 네트리스트를 두 개의 그룹으로 분할하는 것으로서, 분할된 각 그룹에서의 네트들이 트랙에 할당되었을 때 트랙의 개수를 최소화되게 분할하는 문제이다.

1. 염색체의 표현

네트리스트 분할 문제는 네트리스트의 네트들을 그룹화 하는 것으로 네트리스트 분할 문제를 유전자 알고리즘으로 표현하기 위해서는 각 네트가 두 그룹 중 어느 그룹에 속하는지를 나타낼 수 있어야 한다.

네트리스트 분할 문제에서 전체 네트의 개수를 n 이라고 하면, 유전자 알고리즘의 염색체는 n 개의 비트 배열, 즉 비트 스트링을 사용하여 나타낼 수 있다. 네트를 나타내는 염색체의 각 비트는 그룹 A 에 속해있는 네트에 해당하는 비트를 '0'으로, 그룹 B 에 속해있는 네트에 해당하는 비트를 '1'로 표시하여, 각 그룹으로 분리된 네트들을 그림 1과 같은 염색체로 표현 할 수 있다.

그림 1은 n 이 16일 때 네트 0, 3, 6, 7, 11, 12, 15가 그룹 A 에 속해있고, 네트 1, 2, 4, 5, 8, 9, 10, 13, 14가 그룹 B 에 속해 있는 것을 나타내고 있다.

2. 평가함수

유전자 알고리즘이 진행되는 동안 현재 모집단의 개체들은 특정 평가함수에 의해 평가된다. 네트리스트 분할 문제에서의 평가함수는 분할된 각 그룹의 '사용 가능한 최소 트랙 수' 중 큰 그룹의 수를 나타내며, 이 값이 작을수록 더 좋은 적합도를 가지게 된다.

사용 가능한 최소 트랙 수는 그림 2와 같은 간격 그래프(interval graph)를 사용하여 구할 수 있다. 그림 2에서 A 위치에서 최대 5개의 네트가 겹치게 된다. 이것은 적어도 5개의 트랙이 필요하다는 것을 의미한다.

3. 교배, 돌연변이 연산자

네트리스트 분할 유전자 알고리즘에서는 그림 3과 같이 2-점 교배 연산자를 사용하였고, 그림 4와 같이 각 유전자가 P_m 의 돌연변이율로 돌연변이를 수행하였다.

네트번호	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
그룹	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0

그림 1. 네트리스트 분할 문제의 염색체 표현
Fig. 1. Representation of chromosome for netlist partition problem.

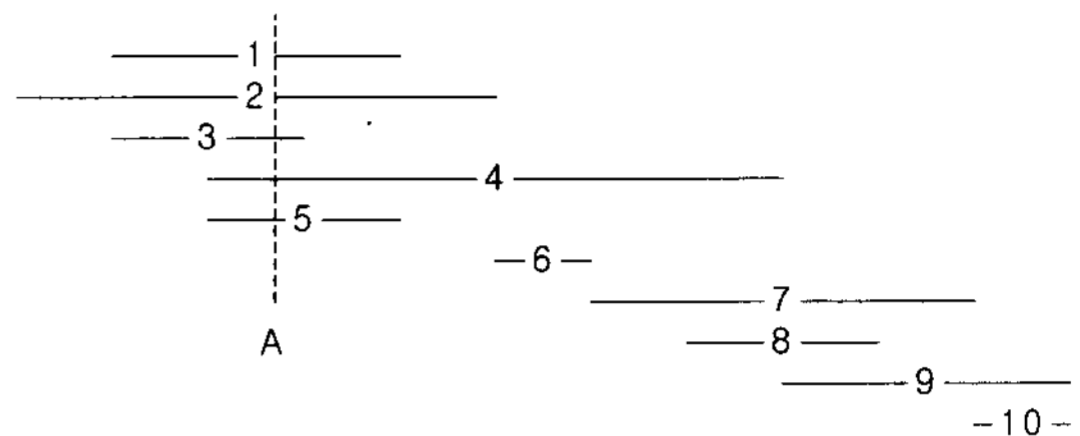


그림 2. 간격 그래프
Fig. 2. Interval graph.

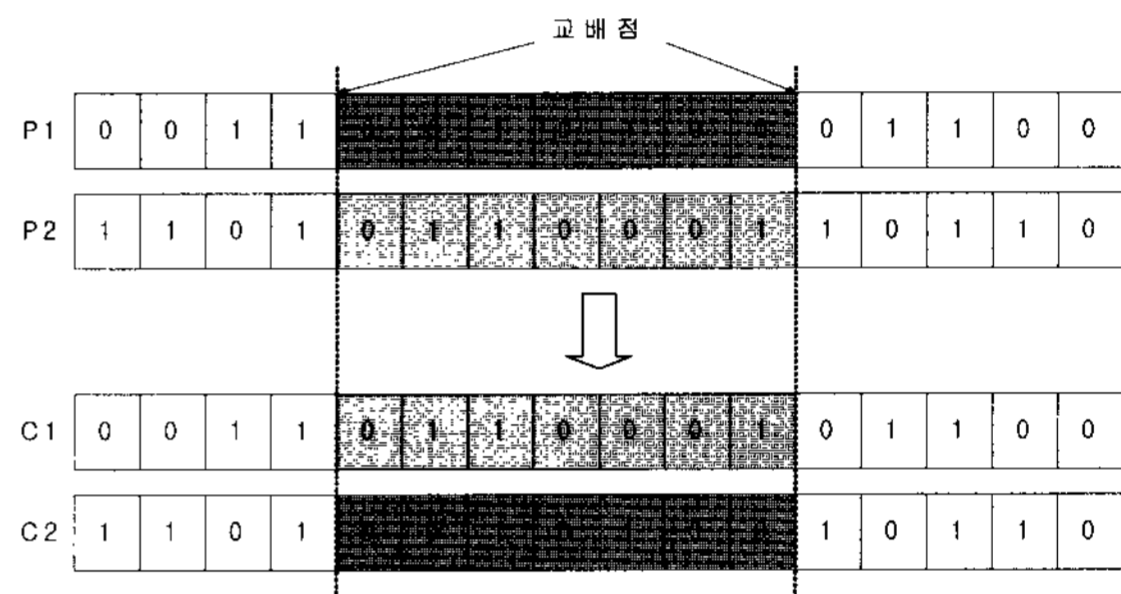


그림 3. 네트리스트 분할 2-점 교배 연산
Fig. 3. 2-point crossover operation for netlist partition.

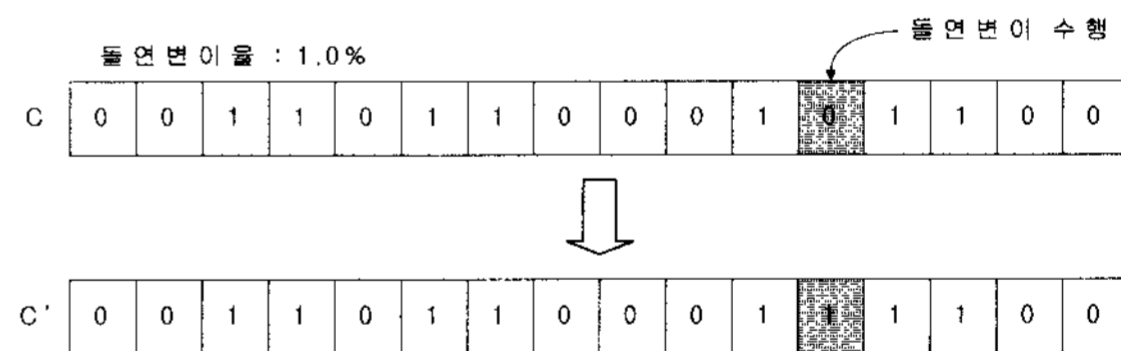


그림 4. 네트리스트 분할 돌연변이 연산
Fig. 4. Mutation operation for netlist partition.

4. 네트리스트 분할 유전자 알고리즘

알고리즘 A는 앞에서의 기술한 방식을 사용한 네트리스트 분할 유전자 알고리즘을 기술한 것이다.

알고리즘 A에서 사용된 변수들 중에서 pop_size 는 개체들의 수, P_m 은 돌연변이율, max_gen 은 최대 생성 횟수를 나타낸다.

알고리즘 A. 네트리스트 분할 유전자 알고리즘
Algorithm A. Genetic algorithm for netlist partitioning.

단계 1 : 초기 변수들의 설정

개체의 수를 나타내는 pop_size , 돌연변이율을 나타내는 P_m , 그리고 최대 생성 횟수를 나타내는 max_gen 을 설정한다.

단계 2 : 초기 모집단의 생성

각기 다른 pop_size 만큼의 객체 $S_i(i=1, \dots, \text{pop_size})$ 를 임의로 생성한다.

단계 3 : 모든 모집단의 비용을 계산하고 최대, 최소 객체를 기억한다.

단계 4 : 교배

4.1 : 모집단으로부터 두 개의 부모 염색체 P1, P2를 임의로 선택한다.

4.2 : 2-점 교배 연산자를 사용하여 새로운 자식 염색체 C1, C2를 생성

단계 5 : 돌연변이

임의의 값 $\epsilon \in (0,1]$ 을 생성하고 돌연변이율 Pm과 비교한다. 만일 $\epsilon < Pm$ 이면 돌연변이 연산을 수행한다.

단계 6 : 만일 생성된 자식 염색체 C1 또는 C2가 모집단 내의 어느 객체와 같다면, C1 또는 C2가 같은 객체가 없는 새로운 객체가 될 때까지 돌연변이 연산을 수행한다.

단계 7 : 새로운 세대의 구성

모집단 내의 최대 비용을 갖는 두 개의 염색체를 삭제하고 생성된 자식 염색체 C1과 C2를 모집단 내에 추가한다.

단계 8 : 새로운 염색체의 생성 횟수가 max_gen이 될 때까지 단계 2부터 7까지를 반복한다. 최적해는 모집단 내에서 가장 작은 비용을 갖는 염색체이다.

III. 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘

네트리스트를 두 개의 그룹으로 분할한 후 각 그룹을 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘을 사용하여 해결할 수 있다. 2-레이어 채널 배선 문제는 주어진 네트리스트를 중첩(overlap) 없이 최소한의 채널을 사용하여 배선하는 것이다.

1. 염색체의 표현

2-레이어 채널 배선 문제는 배선 영역에 할당된 네트들을 트랙에 할당하는 문제로서, 각 네트들이 할당된 트랙을 표현할 수 있어야 하며, dogleg를 사용하여 하나의 네트가 여러 트랙에 할당이 된 것도 표현 가능해야 한다. 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘의 염색체를 표현하기 위하여 그림 5와 같이 각 트랙과 열을 각각 숫자와 알파벳순으로 표기하였다.

그림 6은 그림 5의 네트리스트를 본 논문에서 제안한 2-레이어 dogleg 채널 배선 유전자 알고리즘의 염색체 표현 방법으로 표현한 것이다. 여기서의 간단한 설명을 위하여 최대 2번의 dogleg만이 가능한 경우를 예로 보이고 있다.

그림 6의 염색체 표현에서 각 5개의 유전자는 하나의 네트를 나타내며, 첫 번째 유전자는 네트의 시작 트랙을 나타내고 시작 열의 위치는 네트리스트에서 확인할

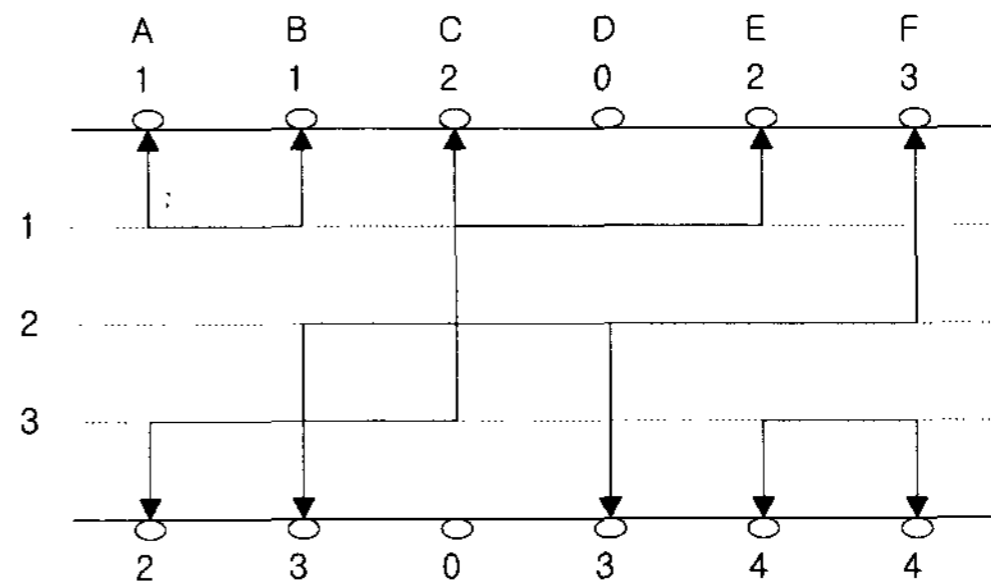


그림 5. 네트리스트와 트랙

Fig. 5. Netlist and tracks.

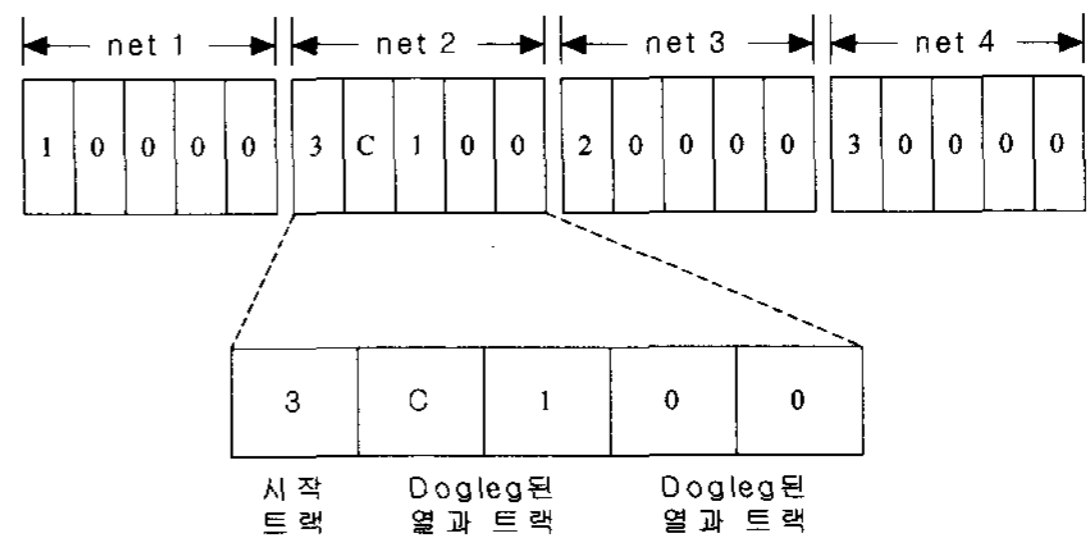


그림 6. 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘의 염색체 표현

Fig. 6. Representation of chromosome for 2-layer channel routing genetic algorithm.

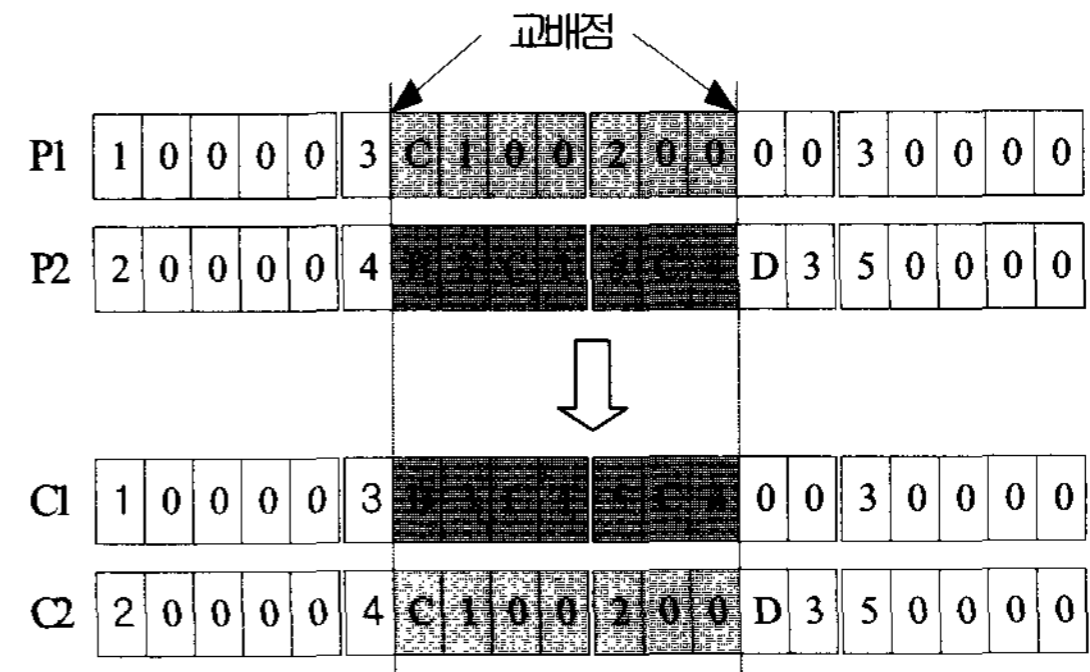


그림 7. 2-점 교배 연산

Fig. 7. 2-point crossover operation.

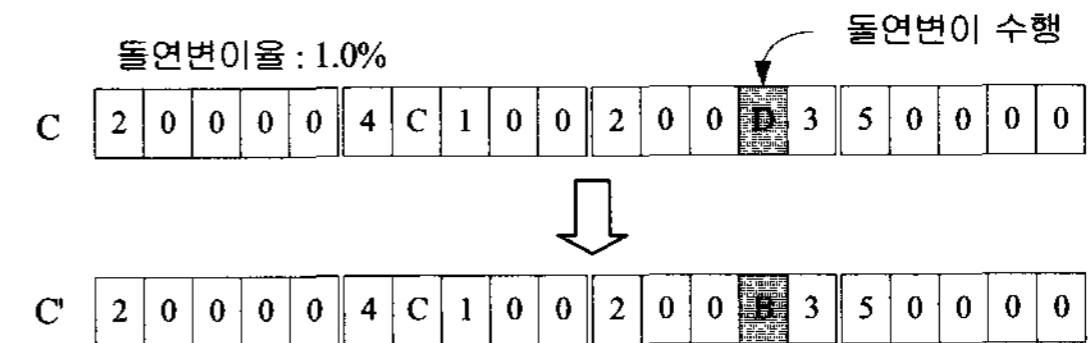


그림 8. 돌연변이 연산

Fig. 8. Mutation operation.

수 있다. 또한 나머지 유전자는 dogleg된 열과 트랙을 나타내는 2개의 유전자 쌍으로 이루어져 있다.

즉, 1번 네트는 처음에 1번 트랙을 사용하고, 계속 1번 트랙만을 사용하는 것을 나타내며, 2번 네트는 처음에 3번 트랙을 C열에서 1번 트랙을 사용한 것을, 3번 네트는 2번 트랙을, 4번 네트는 3번 트랙을 사용한 것을 나타내고 있다.

2. 교배, 돌연변이 연산자

2 레이어 채널 배선 유전자 알고리즘에서는 그림 7과 같이 2-점 교배 연산자를 사용하였고, 그림 8과 같이 돌연변이율 P_m 에 의해서 dogleg를 사용할 열과 사용 트랙을 변경시키는 방법으로 돌연변이를 수행하였다.

3. 평가함수

유전자 알고리즘이 진행되는 동안 현재 모집단의 개체들은 특정 평가함수에 의해 평가된다. 2-레이어 dogleg 채널 배선 문제에서 최종 목적은 dogleg 없는 채널 배선 문제에서와 같이 배선에 사용된 트랙의 개수를 줄이는 것이기 때문에, 2-레이어 dogleg 채널 배선 유전자 알고리즘의 평가함수는 모든 네트를 트랙에 할당한 후, 각 네트들이 중첩된 길이와 사용된 트랙의 개수를 사용하여 식 1과 같이 계산된다.

$$F = \frac{1}{\alpha \cdot O_v + \beta \cdot N_t} \quad (1)$$

알고리즘 B는 본 논문에서 제안한 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘을 나타낸다.

알고리즘 B에서 사용된 변수들 중에서 pop_size 는 개체들의 수, P_m 은 돌연변이율, max_gen 은 최대 생성 횟수, S_i , E_i , N_i 는 최소, 최대, 현재 트랙의 수, N_c 는 사용 가능한 열의 개수, num_dogleg 은 최대 가능한 dogleg 횟수, α , β 는 페널티 비율, ν 는 반복 증가 비율을 나타낸다.

알고리즘 B. 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘

Algorithm B. Genetic Algorithm for 2-layer channel routing.

단계 1 : 초기 변수들의 설정

pop_size , P_m , max_gen , S_t , E_t , N_t , N_c
 num_dogleg , α , β , ν

단계 2 : 초기 모집단의 생성

pop_size 만큼의 각기 다른 객체 S_i ($i=1, \dots, pop_size$)를 임의로 생성한다. 각 유전자는 N_c 와 N_t 범위 내에서 선택.

단계 3 : 평가함수를 이용하여 모든 객체들의 적합도를 계산한다.

단계 4 : 교배

모집단으로부터 두 개의 부모 염색체 P_1 , P_2 를 임의로 선택하고, 2-점 교배 연산을 수행하여 새로운 자식 염색체 C_1 , C_2 를 생성한다.

단계 5 : 돌연변이

염색체의 각 위치를 임의로 생성한 $\epsilon \in (0,1]$ 과 돌

연변이율 P_m 을 비교하여 만일 $\epsilon < P_m$ 이면 돌연변이 연산을 수행한다.

단계 6 : 만일 생성된 자식 염색체 C_1 또는 C_2 가 모집단 내의 어느 객체와 같다면, 같은 객체가 없는 새로운 객체가 될 때까지 돌연변이 연산을 수행한다.

단계 7 : 새로운 세대의 구성

모집단 내의 가장 낮은 적합도를 갖는 두 개의 염색체를 삭제하고 생성된 자식 염색체 C_1 과 C_2 를 모집단 내에 추가한다.

단계 8 : 새로운 염색체의 생성 횟수가 max_gen 이 될 때까지 단계 4부터 7까지를 반복한다.

단계 9 : N_t 의 값이 E_t 가 될 때까지 다음을 수행하고,

$N_t = N_t + 1$ $max_gen = max_gen * \nu$

단계 2에서 9를 반복한다.

단계 10 : 최적해는 모집단 내에서 가장 높은 적합도를 갖는 염색체이다.

IV. 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘

4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘은 우선 주어진 네트리스트를 입력으로 하여 네트리스트 분할 유전자 알고리즘을 수행시킨다. 얻어진 해들 중에서 일정 개수의 상위 해들을 선택하고, 선택된 해들 중에서 각각의 해들을 차례로 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘에 적용시킨다. 즉 각각의 분할된 해들의 두 그룹의 네트리스트를 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘에 각각 적용시켜 채널 배선을 수행한 결과 가장 적은 트랙을 사용한 해를 결과로 얻게 된다. 네트리스트 분할 유전자 알고리즘의 모든 해들을 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘에 적용시켜 모든 결과들 중에서 가장 적은 트랙을 사용한 해를 최종 해로 결정한다.

알고리즘 C는 본 논문에서 제안한 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘을 나타낸다.

알고리즘 C. 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘

Algorithm C. Genetic algorithm for 4-layer channel routing.

단계 0 : 파라미터들의 설정

pt_N : 네트리스트 분할 유전자 알고리즘 수행 횟수

ch_N : 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘 수행 횟수

$best_pt_N$: 네트리스트 분할 유전자 알고리즘의 해 중 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘을 수행할 상위 해의 개수

단계 1 : 네트리스트 분할 유전자 알고리즘

네트리스트 분할 유전자 알고리즘을 pt_N 번 수행하고 각각의 해를 저장한다.

단계 2 : 분할 최적해

저장된 해를 내림차순으로 정렬한 후, 상위 best_pt_N개의 해를 선택한다.

단계 3 : 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘

선택한 best_pt_N개의 해에 대하여 각각 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘을 ch_N번 수행한다.

단계 4 : 채널 배선 최적해

전체 (best_pt_N*ch_N)개의 채널 배선 해 중 최적의 해를 4-레이어 채널 배선 알고리즘의 해로 선택한다.

V. 시뮬레이션

4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘의 시뮬레이션을 위하여 벤치마크 회로인 ex 1, ex 3a, ex 3b, ex 3c, ex 4b, ex 5와 Deutsch's difficult problem 회로에 대하여 EA 알고리즘^[7]의 결과와 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘의 결과를 비교하였다.

본 시뮬레이션에서는 네트리스트 분할 유전자 알고리즘의 돌연변이율 $P_m=0.01(1\%)$, 모집단내의 개체의 수 $pop_size=20$, 최대 수행 횟수 $max_gen=100$ 그리고 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘의 돌연변이율 $P_m=0.01$, 모집단내의 개체의 수 $pop_size=20$, 최대 수행 횟수 $max_gen=100$, 최대 dogleg 횟수 $num_dogleg=2$, $\alpha=0.8$, $\beta=0.2$, $\gamma=1.2$ 를 사용하였으며, 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘의 네트리스트 분할 유전자 알고리즘 수행 횟수 $pt_N=100$, 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘 수행 횟수 $ch_N=100$, 네트리스트 분할 유전자 알고리즘의 해 중 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘을 수행할 상위 해의 개수 $best_pt_N=5$ 를 사용하였다.

표 1은 벤치마크 네트리스트인 ex 1, ex 3a, ex 3b, ex 3c, ex 4b, ex 5와 Deutsch's difficult problem 회로에 대하여 채널 배선 유전자 알고리즘을 적용한 결과와 EA 알고리즘을 비교한 것을 보이고 있다.

그림 9는 표 1의 벤치마크 네트리스트 중 Ex1의 네트리스트에 대한 간격 그래프를 나타낸 것이며, 그림 10은 그림 9의 간격 그래프를 네트리스트 분할 유전자 알고리즘에 적용시켜 분할된 결과를 보이고 있다. 또한 그림 11은 분할된 네트리스트를 각각 2-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘에 적용시킨 결과를 보이고 있다. 그림 11에서 위쪽 그림은 상위 2-레이어의 배선 결과이며 아래쪽 그림은 하위 2-레이어의 배선 결과를 보이고 있는 것으로서, 각각 6개의 채널을 사용할 것을 볼 수 있다.

표 1. 벤치마크 테스트 결과

Table 1. Benchmark test results.

벤치마크	네트 개수	사용 트랙 수	
		EA	4CRGA
Ex 1	21	-	6
Ex 3a	45	6	6
Ex 3b	47	7	7
Ex 3c	54	7	7
Ex 4b	55	8	7
Ex 5	61	7	7
Deu52	52	-	9
Deu72	72	-	10
Deu218	218	-	28

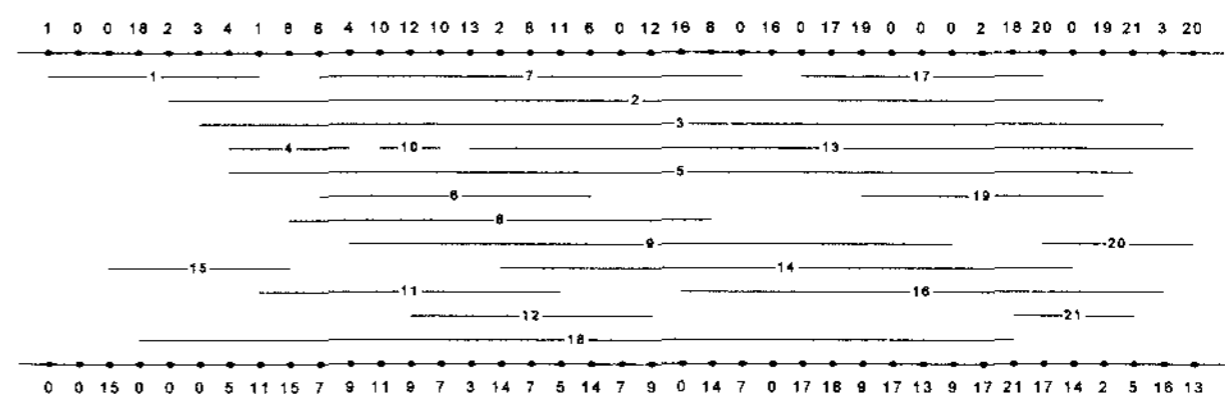


그림 9. 네트리스트 Ex 1의 간격 그래프

Fig. 9. Interval graph for netlist Ex 1.

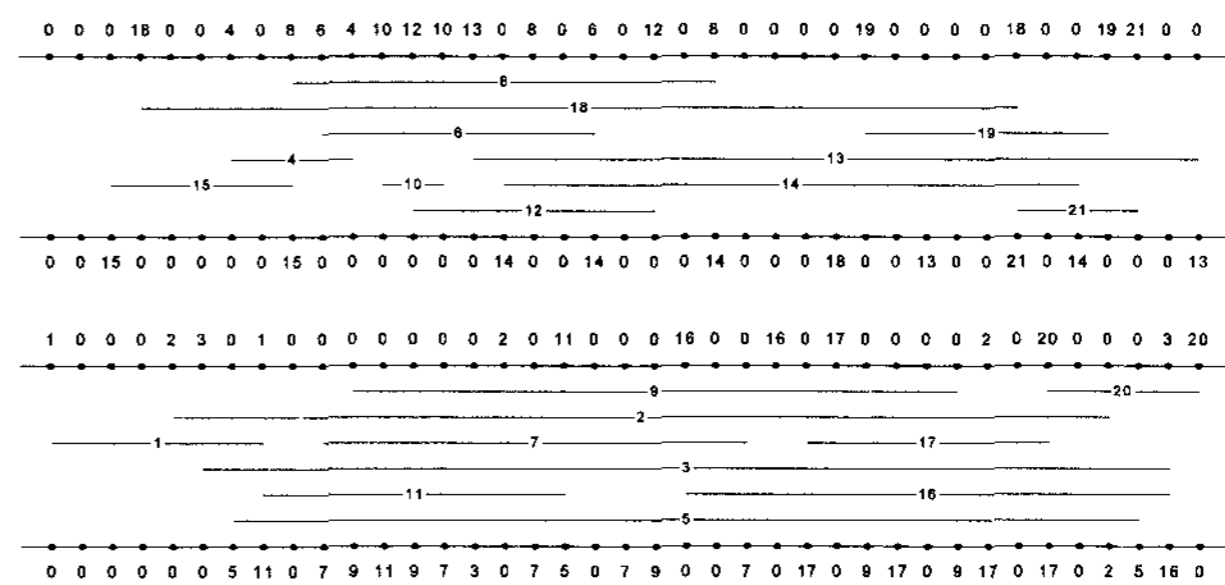


그림 10. 분할된 네트리스트 Ex 1의 간격 그래프

Fig. 10. Interval graph for partitioned netlist Ex 1.

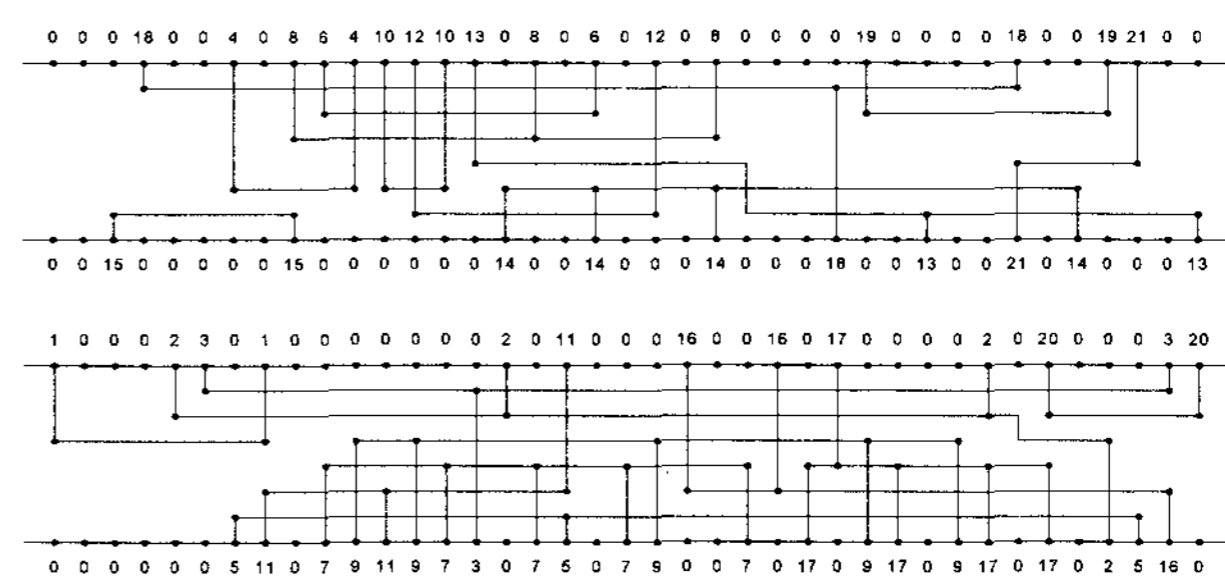


그림 11. 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘 결과

Fig. 11. Result of genetic algorithm for 4-layer channel routing.

VI. 결론

본 논문에서는 VLSI 설계 과정 중 4-레이어 채널 배선 문제에 대하여 유전자 알고리즘을 이용한 해 공간 탐색 방식을 제안하였으며, 이 방식을 기존의 4-레이

어 채널 배선 알고리즘인 EA 알고리즘과 비교, 분석하였다.

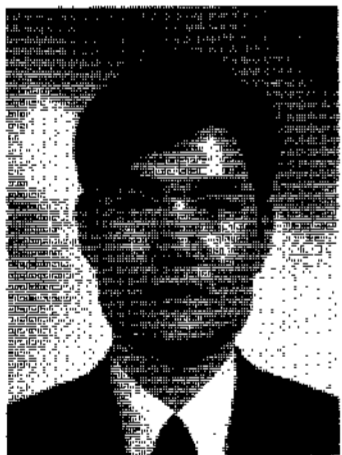
제안한 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘과 EA 알고리즘을 벤치마크 네트리스트에 적용하여 비교, 분석한 결과 제안한 4-레이어 채널 배선 유전자 알고리즘이 더 효과적으로 최적해에 근접하는 것을 알 수 있었다.

앞으로 좀더 효율적인 채널 배선 문제에 대한 유전자 알고리즘의 적용 방법에 대한 연구가 필요하다고 생각된다.

참 고 문 헌

- [1] S. M. Sait, H. Youssef, *VLSI Physical Design Automation Theory and Practice*, World Scientific Publishing, 2001.
- [2] Naveed A. Sherwani, *Algorithms for VLSI Physical Design Automation*. 3rd Edition, Kluwer Academic Publishers, 2001.
- [3] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley Publisher Company, Inc., 1989.
- [4] L. Davis. *Handbook of Genetic Algorithms*, van Nostrand Reinhold, New York, 1991.
- [5] S. M. Sait, H. Youssef, *Iterative Computer Algorithms with Applications in Engineering*, Computer Society, 1999.
- [6] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley Publisher Company, Inc., 1989.
- [7] N. Göckel, R. Prechsler, B. Becker, A Multi-layer Detailed Routing Approach based on Evolutionary Algorithms, *IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, pages. 557-562, 1997.
- [8] T.Ho, S.S.Iyengar, and S.Zheng. A general greedy channel routing algorithm. *IEEE Transactions on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, 10(2):204-211, February 1991.
- [9] U. Yoeli. A robust channel router. *IEEE Transactions on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, 10(2):211-219, February 1991.
- [10] G.Vijayan, H.H.Chen, and C.K.Wong. On VHV routing in channels with irregular boundaries. *IEEE Transactions on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, 8(2):146-152, February 1989.

저 자 소 개



김 현 기(정회원)

1986년 호서대학교 정보통신과 졸업(공학사)

1992년 호서대학교 대학원 정보통신과 졸업(공학석사)

2002년 청주대학교 대학원 전자공학과 졸업(공학박사)

1996년~현재 극동정보대학 정보통신과 부교수
<주관심분야: VLSI & CAD, 실시간 정보처리, 컴퓨터 네트워크>



이 범 근(정회원)

1995년 청주대학교 전자공학과 학사 졸업.

1997년 청주대학교 전자공학과 석사 졸업.

2001년 경희대학교 전자공학과 박사 수료.

2002년 3월~현재 극동정보대학 전산정보처리과 초빙교수.

<주관심분야 : 컴퓨터 보안, Micro Display, CAD, Internet Applications>



송 호 정(정회원)

1994년 배재대학교 물리학과 학사 졸업.

1996년 청주대학교 전자공학과 석사 졸업.

2003년 충북대학교 컴퓨터공학과 박사 졸업.

2004년 7월~현재 시스템피아 부설연구소장.
<주관심분야 : VLSI 설계, High-level Synthesis>