

## **Компоновка блоков ЭВА на основе биоинспирированных методов поиска<sup>1</sup>**

Заруба Дарья Викторовна

Ассистент каф. САПР ИКТИБ ЮФУ

Россия, г. Таганрог, dvzaruba@sfnedu.ru

**Аннотация.** Задача компоновки блоков ЭВА является одной из наиболее трудоемких задач этапа конструкторского проектирования при проектировании сложных устройств. В статье предложена новая математическая модель схемы ЭВА и сформулирована постановка задачи компоновки блоков ЭВА. Для решения поставленной задачи разработана архитектура поиска на основе бактериальной, светлячковой и генетической поисковых эвристик. Для подтверждения эффективности разработанных алгоритмов была создана программная среда для проведения экспериментальных исследований, которые показали улучшение качества компоновки по сравнению с известными аналогами hMetis и MLPart.

**Ключевые слова:** конструкторское проектирование; компоновка блоков ЭВА; биоинспирированные алгоритмы; оптимизация.

## **Partitionung of ECE blocks on the basis of bioinspired search methods**

Daria Zaruba

Assistant at the Department of CAD, ICTIS, SfnedU

Russia, Taganrog, dvzaruba@sfnedu.ru

**Abstract.** The partitioning problem is one of the most time-consuming tasks in the design of devices. The article proposes a new mathematical model of the ECE circuit and formulates the statement of the ECE partitioning problem. To solve this problem, a search architecture based on bacterial, glowworm and genetic search heuristics has been

---

<sup>1</sup> Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта 19-01-00059

developed. To confirm the effectiveness of the developed algorithms, a software environment was created for experimental research, which showed an improvement in the quality of the partitioning compared to the well-known analogues of hMetis and MLPart.

**Keywords:** design; partitioning; bioinspired algorithms; optimization.

**Введение.** Необходимость решения задачи компоновки блоков ЭВА обусловлена 2мя факторами: повышение требований к размерам и быстродействию устройств ЭВА и увеличением степени интеграции элементов. Таким образом, разработка новых и модифицированных методов и средств компоновки блоков ЭВА, позволяющих улучшить показатели времени работы, качества и трудоемкости, является актуальной и важной задачей. В настоящее время качество производства объекта во многом зависит от результатов, полученных на этапе конструкторского проектирования, где решаются задачи компоновки элементов, их размещения и трассировка соединений и т. д. [1-3]. От качества компоновки зависит эффективность проектирования в целом. Т. к. задача компоновки является NP-полной, то разработка новых эвристических методов и средств ее решения является важной задачей.

**1. Постановка задачи.** В качестве корректного и адекватного представления схемы ЭВА предлагается использовать модель ультраграфа. Компоновкой блоков ЭВА на конструктивно законченные части называется процесс распределения компонентов низшего конструктивного уровня в высший в соответствии с заданными критериями. В качестве критериев автор предлагает использовать количество межблочных соединений и условную функциональную задержку схемы. Целью оптимизации является минимизация комплексного критерия [4].

**2. Биоинспирированная архитектура поиска.** Для эффективного решения задачи компоновки блоков ЭВА предлагаются модифицированные методы бактериального, светлячкового и генетического поиска [5]. На их основе была создана биоинспирированная архитектура поиска со шкалой выбора, определяющая как последовательное, так и параллельное выполнение светлячковой,

бактериальной и генетической поисковых эвристик [6, 7]. Параметр шкалы выбора может принимать значения -1, 0 и 1, что определяет последовательность выполнения алгоритмов.

Рассмотрим более подробно описанные биоинспирированные методы. В классическом варианте метод бактериальной оптимизации основывается на 3 механизмах: хемотаксисе, репродукции и ликвидации [7]. Для повышения качества получаемых решений введен блок динамического изменения количества шагов хемотаксиса в зависимости от номера текущей генерации. На ранних этапах поиска используется большое количество шагов хемотаксиса для поддержания высокого уровня диверсификации поиска, а на завершающих этапах поиска количество шагов хемотаксиса уменьшается, что способствует интенсификации поиска.

Следующим методом является метод светлячковой оптимизации, который основывается на моделировании поведения роя светлячков. В классическом светлячковом методе агент оценивает уровень люциферина соседних агентов и перемещается в сторону наибольшего. В качестве модификации предлагается механизм обновления позиции агента на основе оценки уровня люциферина двух соседних агентов. Данная модификация позволяет уменьшить вероятность предварительной сходимости алгоритма и избегать попадания в локальный оптимум.

Для повышения качества решений, полученных модифицированным бактериальным и светлячковым методами, предлагается модифицированный метод генетического поиска. В отличие от базовой структуры генетического поиска, используется модель эволюции Ламарка с использованием модифицированных генетических операторов. Были разработаны частично-соответствующий оператор кроссинговера на основе теории прямоугольных чисел, определяющих расположение точек разрыва в хромосоме, и оператор инверсии на основе закона распределения Больцмана.

**3. Механизм кодирования и декодирования решений.** Как известно из литературы, для повышения эффективности и корректности работы

биоинспирированных алгоритмов необходимо решить задачи представления данных. В связи с этим, предлагается унифицированный подход к представлению данных при реализации бактериального, светлячкового и генетического алгоритмов. Альтернативное решение задается в виде последовательности номеров блоков ЭВА, разбитых на группы разбиения.

**4. Алгоритм компоновки блоков ЭВА.** На основании биоинспирированных и генетического алгоритмов предложен многоуровневый алгоритм компоновки, который предусматривает 3 режима работы в зависимости от значения параметра шкалы алгоритма: выполнение только светлячкового, только бактериального или параллельное выполнение обоих алгоритмов. В случае параллельного выполнения результатом являются две популяции, которые объединяются с помощью оператора миграции. Затем полученная популяция подается на вход модифицированного генетического алгоритма для получения квазиоптимальных решений.

Особенностью разработанного алгоритма компоновки является «Параллельный режим». Реализовано независимое параллельное выполнение бактериального и светлячкового алгоритмов с последующим объединением результатов, с помощью оператора миграции. Для выбора альтернативных решений, которые попадут в конечную популяцию, используется модифицированный оператор отбора.

В основе модифицированного оператора отбора лежит принцип «колеса рулетки». Модификация заключается в фиксации начальных секторов рулетки на основании коэффициента  $\varphi$ ,  $\varphi \in [0,1]$ . Данный коэффициент регулирует процент вхождения результатов, полученных бактериальным и светлячковым алгоритмов.

**5. Экспериментальные исследования.** Для подтверждения качества и эффективности предложенного подхода в работе создана программная подсистема, поддерживающая выполнение проектных процедур компоновки на основе разработанных алгоритмов. Разработанная система позволяет моделировать решение задачи компоновки элементов ЭВА с использованием разработанных автором алгоритмов и известных алгоритмов компоновки MLPart и hMetis [8, 9].

Исходя из оценки времени работы разработанных алгоритмов, видно, что многоуровневый алгоритм в любом режиме работы требует относительно много времени, но его временная сложность лежит в пределах  $O(n^2)$ .

При этом разработанные биоинспирированные алгоритмы показали сопоставимые результаты по времени решения с известными программными средствами MLPart и hMetis. Причем разработанный алгоритм при параллельном режиме работы по качеству решения в среднем на 9 % превосходит другие разработанные архитектуры поиска и на 7 % превосходит известные программные средства MLPart и hMetis.

**Выводы.** Была определена постановка задачи компоновки блоков ЭВА с учетом количества межблочных соединений и УФЗ схемы. Для решения поставленной задачи была предложена биоинспирированная поисковая архитектура на основе светлячкового, бактериального и генетического алгоритмов, ориентированный на решение задачи компоновки блоков ЭВА. Разработанная архитектура биоинспирированного поиска позволяет эффективно управлять процессом поиска и получать оптимальные и квазиоптимальные результаты за полиномиальное время. Для проведения экспериментальных исследований была разработана программная среда, реализующая разработанный алгоритм компоновки блоков ЭВА. Предложенная архитектура поиска решений и разработанные методы и алгоритмы биоинспирированной оптимизации позволяют получать решения, сопоставимые с известными методами, а в некоторых случаях и превосходят последние по качеству получаемых решений в среднем на 8 %.

### **Библиографический список**

1. Норенков, И.П. Основы автоматизированного проектирования: учебник, И.П. Норенков., М.: Изд-во МГТУ имени Н.Э. Баумана, 2006. 336с.
2. Sherwani, N. A. Algorithms for VLSI Physical Design Automation, Third Edition, Kluwer Academic Publisher, USA, 2013, 572 p.
3. Карпенко, А.П. Современные алгоритмы поисковой оптимизации.

Алгоритмы, вдохновленные природой: учебное пособие, Москва, Издательство МГТУ им. Н.Э. Баумана, 2014, 446 с.

4. Заруба Д.В., Запорожец Д.Ю., Запорожец Ю.Ю., Подсистема распределенного решения оптимизационных задач, Известия ЮФУ. Технические науки. 2019. № 2 (204). С. 57-68.

5. Курейчик В.В., Заруба Д.В., Двухуровневый алгоритм разбиения графа на части, Известия ЮФУ. Технические науки. 2019. № 2 (204). С. 6-15.

6. Zaporozhets D., Zaruba D., Kulieva N., Parallel approach for bioinspired algorithms, Journal of Physics: Conference Series International Conference Information Technologies in Business and Industry 2018 - Enterprise Information Systems. 2018. С. 042065.

7. Запорожец Д.Ю., Заруба Д.В., Параллельный популяционный алгоритм, Известия ЮФУ. Технические науки. 2018. № 4 (198). С. 136-145.

8. D. A. Papa and I. L. Markov, Hypergraph Partitioning and Clustering, Approximation Algorithms and Metaheuristics, T. Gonzalez, ed.; CRC Press, 2006.

9. A. E. Caldwell, A. B. Kahng, and I. L. Markov, Improved Algorithms for Hypergraph Bipartitioning, Proc. Asia and South Pacific Design Automation Conf., Jan. 2000, pp. 661-666.