

УДК 621.382.2/.3:004.42

## ПРОГРАММА ПОСТРОЕНИЯ МОДЕЛЕЙ ЭЛЕМЕНТОВ СВЧ МОНОЛИТНЫХ ИНТЕГРАЛЬНЫХ СХЕМ НА ОСНОВЕ МНОГОМЕРНЫХ ПОЛИНОМОВ

А.О. Абрамов, Л.И. Бабак, И.М. Добуш, С.Ю. Дорофеев, М.А. Песков, А.А. Самуилов

Томский государственный университет систем управления и радиоэлектроники

E-mail: info@ellics.com

Описана программа *Indesys-MB* для построения моделей элементов СВЧ монолитных интегральных схем на основе многомерных полиномов по результатам измерений параметров рассеяния. В основу программы положены алгоритмы многомерной аппроксимации на базе генетических алгоритмов. Программа реализована на базе универсальной платформы *Indesys Framework*.

### Ключевые слова:

Программа, монолитные интегральные схемы, модели элементов, аппроксимация.

### Key words:

Software, monolithic integrated circuits, element models, approximation.

Одним из приоритетных направлений развития современной радиоэлектроники является применение СВЧ монолитных интегральных схем (МИС). Для успешного проектирования СВЧ монолитных устройств находящиеся в распоряжении разработчика модели элементов [1] должны отражать особенности конкретной технологии изготовления МИС. Кроме того, модели должны быть параметризованными, т. е. позволять рассчитывать характеристики элементов при изменении их конструктивных и технологических параметров (например, геометрических размеров), а в случае активных приборов – также при изменении рабочих режимов.

Для описания электрических характеристик элементов СВЧ МИС обычно используются модели:

- в виде эквивалентных схем (ЭС) [1];
- аппроксимационные (в виде многомерных полиномов, нейронных сетей и т. д.) [2].

Модели на основе эквивалентных схем часто применяются в существующих системах автоматизированного проектирования (САПР) СВЧ устройств в качестве встроенных моделей пассивных и активных компонентов. Однако параметризация таких моделей затруднена, т. к. значения элементов таких моделей должны быть некоторыми функциями конструктивных параметров и рабочих режимов, которые сложно получить.

Преимуществом в этом смысле обладают аппроксимационные модели. Исходными данными для их построения являются параметры рассеяния изготовленных по конкретной технологии активных или пассивных компонентов МИС (обычно тестовых структур), непосредственно измеренные либо полученные на основе электромагнитного анализа. Поэтому такие модели учитывают особенности технологии изготовителя МИС. Определение параметров рассеяния элемента проводится на дискретном множестве частот в узлах заданной сетки изменения его конструктивных (или других) параметров. Вычисление значений параметров рассеяния в промежуточных точках этого множества частот и конструктивных параметров (между

узлами сетки) может быть выполнено с использованием того или иного вида многомерной аппроксимации. К достоинствам аппроксимационных моделей, помимо обеспечения параметризации, относятся также быстрое действие, простота интеграции в существующие САПР, а также возможность автоматического построения моделей на основе формальных алгоритмов.

К сожалению, существующие алгоритмы, используемые для построения аппроксимационных моделей элементов СВЧ устройств (в частности, адаптивные алгоритмы многомерной интерполяции [2]) сложны, недостаточно надежны и не обеспечивают достаточную точность моделей между точками интерполяции.

В настоящей статье описаны алгоритмы и программное обеспечение для построения моделей элементов СВЧ МИС на основе многомерных полиномов. В отличие от известных работ, здесь впервые решение аппроксимационной задачи для монолитных элементов выполняется с использованием генетического алгоритма (ГА). Эффективность предлагаемого подхода проверена на примерах решения практических задач.

Для аппроксимации вещественной или мнимой части любого из параметров рассеяния элемента МИС используется дробно-рациональная функция вида:

$$h(X) = \frac{A(X)}{B(X)}, \quad (*)$$

где  $A$  и  $B$  – многомерные полиномы;  $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$  – вектор изменяемых параметров. Далее будем полагать, что параметр  $x_1$  – это частота, а параметры  $x_2, \dots, x_n$  – конструктивные параметры элемента.

Многомерный полином  $A$  можно представить как сумму мономов вида:

$$\sum a_{\alpha_1 \alpha_2 \dots \alpha_n} x_1^{\alpha_1} x_2^{\alpha_2} \dots x_n^{\alpha_n},$$

где  $k_1, \dots, k_n$  – вещественные степени переменных  $x_1, \dots, x_n$  в мономе;  $a_{\alpha_1 \alpha_2 \dots \alpha_n}$  – вещественный коэффициент монома; каждый из индексов  $\alpha_i$  принимает значение 1, если переменная  $x_i$  присутствует в мо-

номе, и значение 0 в противном случае. Аналогичную структуру имеет многомерный полином  $B$ .

Задача приближения сводится к нахождению таких сочетаний мономов, значений коэффициентов и степеней переменных  $x_1, \dots, x_n$  в каждом мономере числителя и знаменателя (\*), чтобы функция  $h(X)$  как можно лучше воспроизводила заданные значения вещественной или мнимой части параметра рассеяния элемента в узлах сетки. При решении сформулированной задачи аппроксимации может быть использован среднеквадратичный или минимаксный критерий близости функций.

Алгоритм решения базируется на двух методах: ГА и метод случайного поиска. Оба метода имеют свои положительные и отрицательные стороны.

Генетические алгоритмы – это класс алгоритмов, имитирующих эволюционные процессы в природе на основе механизмов генетического наследования и естественного отбора. Одним из отличий ГА по сравнению с классическими (детерминированными) методами оптимизации является то, что они оперируют не с единственным решением, а с целой совокупностью (популяцией) решений.

ГА хорошо зарекомендовали себя в задачах оптимизации. Пусть дана некоторая сложная целевая функция, зависящая от нескольких переменных (параметров), и требуется найти ее экстремум. Будем рассматривать каждый набор переменных как особь (вариант решения задачи), а значение целевой функции для него – как приспособленность данной особи. Тогда в процессе эволюции будут получаться все более приемлемые варианты. Остановив эволюцию в некоторый момент и выбрав лучший вариант, можно получить оптимальное решение задачи.

Рассмотрим основные этапы ГА применительно к задаче аппроксимации с помощью функции (\*). Для простоты положим  $B(X)=1$ , в этом случае функция  $h(X)$  будет представлять многомерный полином. Будем считать, что число мономов в  $A(X)$  задается пользователем.

При решении задачи аппроксимации информация о коэффициентах и значениях степеней полинома представляется в виде двоичного кода. Полученная путем объединения указанных двоичных чисел (участков кода) последовательность нулей и единиц, полностью определяющая значения коэффициентов и степеней, называется хромосомой. Каждая позиция (бит) хромосомы называется геном. Операция построения двоичного кода по известной информации о коэффициентах и степенях полинома называется кодированием. Обратная операция, т. е. восстановление значений коэффициентов и степеней по двоичному коду, называется декодированием.

Каждому варианту полиному (хромосоме) соответствует некоторое значение целевой функции, в терминологии ГА – функции оценки или приспособленности. Хромосома, отвечающая полиному с конкретными коэффициентами и степенями,

объединенная с некоторой оценкой данного полинома, называется особью. ГА обычно оперируют с совокупностью особей, которую называют популяцией. В нашем случае популяция – это фактически множество полиномов, различающихся коэффициентами и степенями.

Начальная популяция особей обычно генерируется случайным образом. В процессе работы ГА популяция особей постепенно от шага к шагу обновляется. Популяцию на текущем шаге принято называть поколением. Для обновления популяции она дополняется новыми особями, в образовании которых участвуют члены текущего поколения. Генерация новых особей осуществляется путем имитации основных механизмов генетики, наблюдаемых в природе – кроссовера (скрещивания) и мутации.

В операции кроссовера обычно участвуют две родительские хромосомы  $P1$  и  $P2$ , выбранные из поколения. Наиболее простым является одноточечный кроссовер, при котором родительские хромосомы «перерезаются» в случайно выбранной точке. Тем самым в каждой хромосоме определяются начальный (Н) и конечный (К) генетические сегменты, т. е. хромосомы могут быть представлены как  $P1=N1+K1$  и  $P2=N2+K2$ . Далее путем обмена генетическими сегментами в результате кроссовера получаются два потомка:  $P1=N1+K2$  и  $P2=N2+K1$ . Потомки наследуют часть генетического материала (и, значит, некоторые свойства) от каждого из родителей.

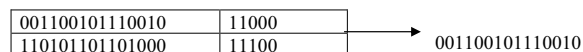


Рис. 1. Оператор одноточечного кроссовера

В случае двухточечного кроссовера выбираются две точки разбиения, битовые строки родительских хромосом обмениваются участками между этими точками.

После кроссовера к каждому потомку применяется оператор мутации. Мутация – это изменение состояния случайно выбранного бита хромосомы на противоположное. При этом в генетический материал потомка вводится новое свойство, которое не присутствовало в хромосомах-родителях.

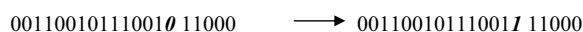


Рис. 2. Оператор мутации

Для поиска наилучших решений в ГА используется также заимствованный у природы механизм естественного отбора – селекция. Он реализуется таким образом, что хромосомы, имеющие лучшую функцию оценки, получают большую возможность участвовать в репродукции, чем «слабые» хромосомы. Выбор метода селекции влияет на сходимость ГА.

Элементы, отобранные для репродукции, обмениваются генетическим материалом, создавая потомков. В результате в процессе эволюции приспособленность особей от поколения к поколению будет возрастать.

Метод случайного поиска представляет собой неуправляемый алгоритм, требующий значительных вычислительных затрат. Этот алгоритм «дороже» в вычислительном плане, чем локальные методы оптимизации [3], например, симплекс-метод. Но в то же время случайный поиск более надежен и прост в реализации.

Идея работы метода случайного поиска заключается в последовательной генерации точек в заданной области многомерного пространства независимых переменных. Для каждой точки в заданной области значение целевой функции сравнивается с наилучшим, найденным на предыдущих итерациях. Если новое значение оказывается лучше, то оно принимается в качестве наилучшего. Процесс повторяется до тех пор, пока не будет выполнено заданное число итераций.

Метод случайного поиска генерирует точки в пространстве независимых переменных случайным образом, как равномерно распределенные случайные величины. К преимуществам случайного поиска можно отнести стабильность в нахождении решения. Недостатком является малая точность определения экстремума целевой функции.

Оба рассмотренных алгоритма реализованы в программе Indesys-MB (Intelligent Design System – Model Builder). Программа предназначена для построения моделей элементов СВЧ МИС на основе многомерных функций вида (\*) и осуществлена на базе платформы Indesys Framework [4], которая разрабатывается в Лаборатории интеллектуальных компьютерных систем ТУСУР. Платформа Indesys Framework содержит общие механизмы, необходимые для реализации специфики данной предметной области: алгоритмы моделиро-

вания, оптимизации, задание ограничений, расчёт целевых функций, общий пользовательский интерфейс и т. д.

На рис. 3 представлена схема процесса разработки СВЧ МИС, в котором одним из ключевых этапов является построение моделей элементов с помощью программы Indesys-MB.

Процесс создания модели включает следующие этапы:

- получение исходного файла в стандартном формате MDIF, содержащего измеренные (расчитанные) параметры рассеяния элементов СВЧ МИС на различных частотах при различных сочетаниях конструктивных параметров (рис. 3);
- задание вида функции (\*), количества мономов числителя и знаменателя, диапазона варьируемых параметров;
- построение модели (\*) по исходным данным, выполнение при необходимости оптимизации модели;
- верификация модели в промежуточных узлах сетки;
- получение математической модели элемента на языке C++ и последующая интеграция в САПР СВЧ устройств (рис. 3).

Программа Indesys-MB позволяет в реальном времени наблюдать за ходом решения задачи аппроксимации. Полученные данные могут быть представлены на графических диаграммах и в табличной форме, что позволяет произвести анализ полученных результатов и оценить ошибки аппроксимации при помощи удобного инструментария. На рис. 4 представлен вид главного окна программы Indesys-MB.

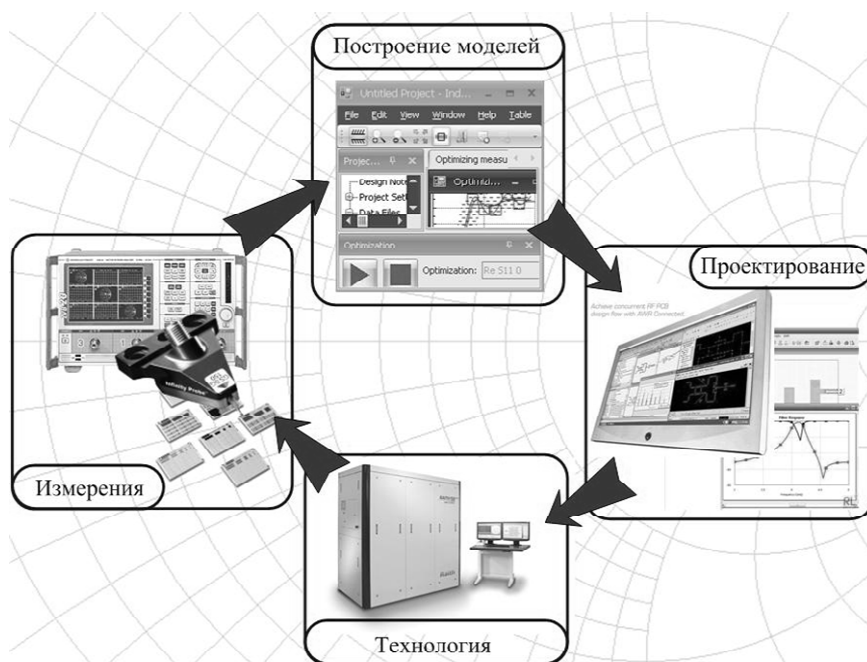


Рис. 3. Схема процесса разработки СВЧ МИС

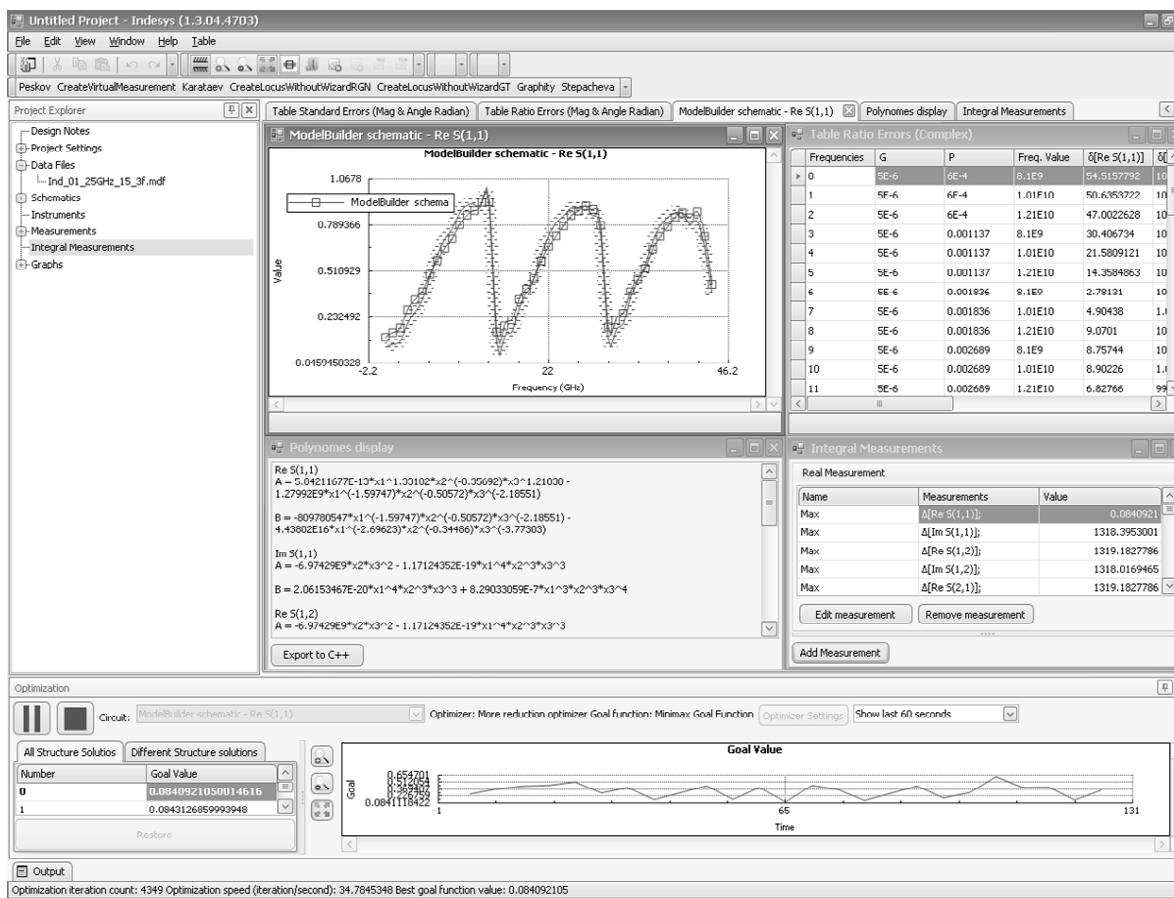


Рис. 4. Вид главного окна программы Indesys-MB

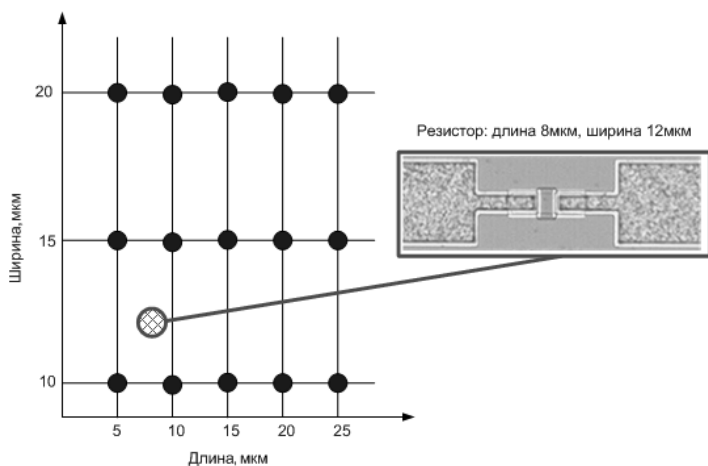


Рис. 5. Сетка значений конструктивных параметров резистора

С использованием программы Indesys-MB решались, в частности, задачи построения аппроксимационных моделей для пассивных монолитных элементов (резистора, конденсатора, катушки индуктивности), изготавливаемых по 0,18 мкм GaAs рНЕМТ технологии ED02АН фирмы OMMIC (Франция). В качестве примера рассмотрим построение модели планарного резистора в активном

слое. Как исходные данные, использовались параметры рассеяния элемента в частотном диапазоне 1...20 ГГц для 15 сочетаний значений конструктивных параметров — длины и ширины резистора. На рис. 5 графически представлена сетка значений конструктивных параметров резистора, ширина принимала значения 10, 15 и 20 мкм, а длина — 5, 10, 15, 20 и 25 мкм.

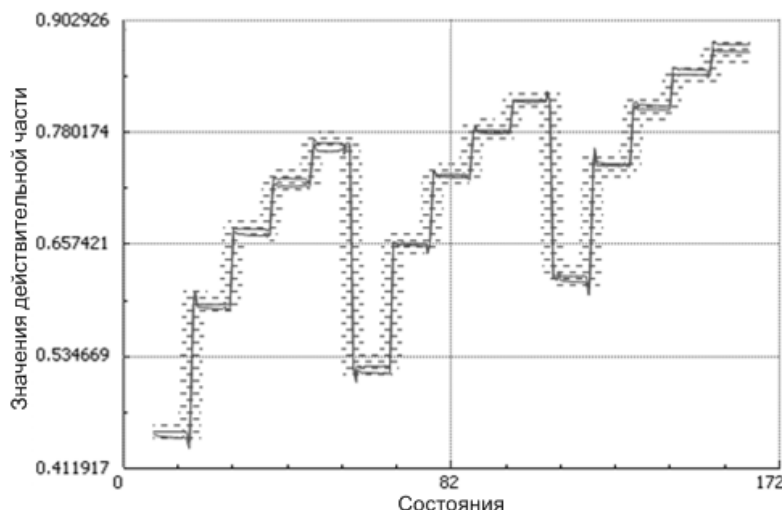


Рис. 6. Зависимость значений действительной части S11 от номера состояния (исходные данные ограничены пунктиром)

Нахождение приближающей функции для действительной части параметра S11 резистора с использованием алгоритма случайного поиска заняло около 5 мин. На рис. 6 показаны исходные и рассчитанные при помощи программы Indesys-MB по модели значения действительной части Re S11 для всех сочетаний значений частоты и конструктивных параметров (иначе говоря, для всех состояний).

Максимальная относительная погрешность модели в диапазоне 1...20 ГГц для характеристики Re S (1,1) составляет 1,54 %, абсолютная – 0,0092, минимальное значение аппроксимируемой характеристики равно 0,454. Приближающая функция для действительной части S11 приведена в таблице.

Таблица. Приближающая функция для действительной части параметра S11

Характеристика	Вид полиномов числителя и знаменателя функции (*)
Re S (1,1)	$A=6,266e^{0,803x_1}x_2^{1,298}x_3^{3,341}+2,468x_1^{-3,119}x_2^{-2,251}x_3^{0,261}$ $B=2,343e^{2,3x_1}x_2^{-3,119}x_3^{-2,251}+5,556x_1^{-3,119}x_2^{-1,307}x_3^{-0,519}$

С помощью программы Indesys-MB построены аппроксимационные модели также для других пассивных монолитных элементов СВЧ МИС. Модели могут быть интегрированы в коммерческие САПР СВЧ устройств с целью эффективного проектирования МИС.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Bahl I.J. Lumped elements for RF and microwave circuits. – London-Boston: Artech House, 2003. – 492 с.
- De Geest J., Dhaene T., Fache N., De Zutter D. Adaptive CAD-Model Building Algorithm for General Planar Microwave Structures // IEEE Trans. Microwave Theory Techn. – 1999. – V. 47. – P. 1801–1809.
- Медынский М.М., Антоний Е.В. Численные методы нелинейной оптимизации: алгоритмы и программы. – М.: МАИ, 2003. – 192 с.

#### Выводы

Реализована программа Indesys-MB для автоматического построения моделей элементов СВЧ монолитных интегральных схем на основе многомерных функций. В отличие от существующих алгоритмов впервые решение задачи многомерной аппроксимации для монолитных элементов выполнено на базе генетического алгоритма. Примеры решения практических задач показали, что программа позволяет эффективно строить модели элементов СВЧ монолитных интегральных схем при количестве сочетаний конструктивных параметров (состояний) не более 20. При увеличении количества конструктивных состояний и расширении частотного диапазона происходит значительное увеличение времени поиска решения. Поэтому следующим этапом работы является поиск и разработка более эффективных алгоритмов аппроксимации и оптимизации (на основе нейронных сетей, генетических алгоритмов и др.), а также дробление рабочего частотного диапазона на отдельные поддиапазоны.

*Работа поддержана грантами РФФИ в рамках проектов 08–07–99034-р\_офи и 09–07–99020-р\_офи, а также грантами в рамках ФЦП «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009–2013 годы» по направлениям «Нанотехнологии и наноматериалы», «Создание электронной компонентной базы», «Микроэлектроника» (мероприятия 1.1, 1.2.1, 1.2.2, 1.3.1 и 1.3.2, государственные контракты П1418, П1492, П2188, П669, П499, 16.740.11.0092 и 14.740.11.0135).*

- Песков М.А., Дорофеев С.Ю., Барышников А.С., Кошевой С.Е., Шеерман Ф.И., Бабак Л.И. Интеллектуальная система автоматизированного проектирования СВЧ-устройств INDESYS // Информационные технологии. – 2010. – № 2. – С. 42–48.

Поступила 06.09.2010 г.