

HIPEX の中央データベースと、 改良された HIPEX-C および HIPEX-R の テクノロジー・ファイル

1. はじめに

レイアウト・パラメータ抽出(LPE)と寄生素子抽出は、ポスト・レイアウト検証プロセスで重要な役割を果たします。新しい IC テクノロジーによって IC レイアウトのサイズが小型化してきたため、フルチップ・レイアウト検証はますます課題となってきています。IC デザインの複雑化により、寄生容量および寄生抵抗による影響を考慮する必要があります。寄生素子は、時間遅延、電圧降下、信号の整合性違反などの原因となり、チップ性能の低下を引き起こします。IC デザインの重要課題は、いかに寄生素子を正確に推定するかということです。

HIPEX でこれらの問題を解決できます。HIPEX を使用すると、ディープサブミクロン・プロセス・テクノロジーを使用した IC デザインから、レイアウト・ネットリストやパラメータ、寄生素子を抽出できます。HIPEX は次のツールから構成され、フルチップ・デザインからネットリストや寄生素子を高速に、そして正確に抽出します。

- NET: 階層ネットリスト抽出
- C: 寄生容量抽出
- R: 寄生抵抗抽出
- Netlister: RC 分散およびネットリスト出力

HIPEX ツールは常に開発中です。新しい機能を追加し、現在使用のアルゴリズムを更新/改良しています。最近の HIPEX の主要な改善の 1 つは、HIPEX の中央データベースの使用です。このデータベースで、ツールを互いに結び付けて、寄生素子抽出とネットリスト出力の処理を簡素化します。本稿では、このデータベースに基づく新しい HIPEX フローを含む HIPEX の改良点について説明します。

2. 新しい HIPEX フロー

新しい HIPEX フローは、図 1 に示すように、いくつかの段階で構成されます。この項では各段階について説明します。

階層ネットリストを抽出する HIPEX-NET が、レイアウト抽出プロセスの基本部分になります。HIPEX-NET では、GDSII または CIF レイアウト・ファイルとユーザが定義したテクノロジー・ファイルを入力ファイルとして使用します。入力ファイルには、ネットリスト抽出に必要なすべての情報を含めます。デバイスのパラメータを抽出中、電

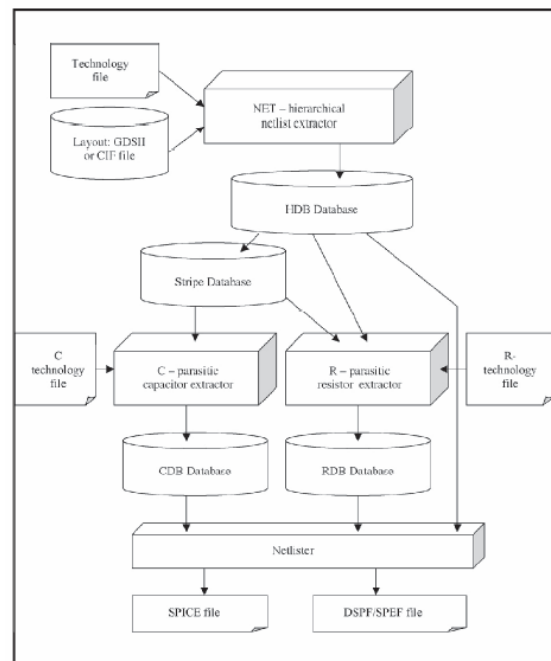


図 1: HIPEX フロー

氣的ルール・チェック(Electrical Rule Checking: ERC)も実行します。そして、抽出完了後、HIPEX-NET は、抽出されたデータを HIPEX データベース(HDB)に出力します。HDB は、寄生素子抽出およびネットリスト生成のために使用されます。HDB は、抽出されたネットおよびデバイスのすべての情報(形状も含む)で構成されます。

HIPEX-NET を使用するとバックアノテーションを実行できます。それは、HIPEX-NET でスキーマティック・ネット名を使用して、オリジナルのネットリストでのネット名が維持できるからです。これにより、Guardian LVS 実行により得たバックアノテートされたネット名およびデバイス名がそのまま使用可能で、HDB に保存されます。そして、HDB に保存することで、バックアノテートされたネットリストを出力することが可能になります。

新しい HIPEX Netlister では HDB を使用して、抽出されたネットリストを階層型またはフラット型の SPICE フォーマットのネットリストとして出力できます。

HIPEX 寄生素子抽出には、HDB より生成されるストライプ・データベース(SDB)を使用します。SDB は、寄生素子抽出の実行対象となるネットに関する情報で構成されます。抽出は、すべてのネット(フルチップ抽出)からでも、選択したクリティカル・ネット(選択したネットからの抽出)からでも可能です。SDB にデータを保存することで、大規模なレイアウトからの抽出処理も可能です。それは、レイアウトを適切なサイズのストライプに分割して、1 ストライプごとに、別々に抽出処理を行うからです。

HIPEX-C は、SDB のデータとユーザが定義したテクノロジー・ファイルをベースにして、寄生容量素子を抽出します。テクノロジー・ファイルには、エリア容量素子、フリンジ容量素子およびラテラル容量素子についてのルールが含まれます。これらのルールに対するキャパシタンス係数は、EXACT、または他のサードパーティのツールといった3次元ソルバより得ることができます。HIPEX-C は、フリンジおよびラテラル容量素子に対する基本的なモデルを内蔵していますが、ユーザ自身がより正確な寄生素子抽出のために、LISA でスクリプト記述をして、カスタム・モデルを実装することも可能です。カスタム・モデル生成のために、HIPEX-C では、さまざまな抽出された形状パラメータを用意しています。

HIPEX-C の抽出結果は容量素子データベース(CDB)に保存されます。この中には、選択したネットに対する寄生容量素子が含まれます。CDB はインクリメンタルなデータベースです。つまり、新しく選択したネットから抽出されたデータは CDB へ追加されていきます。同じネットに対して、再度 HIPEX-C を実行する必要はありません。

HIPEX-R は、SDB に保存されているネットから寄生抵抗素子を抽出します。HIPEX-R のテクノロジー・ファイルは、抽出ワイヤやコンタクト寄生抵抗素子のルールで構成されます。寄生抵抗素子の抽出はネットごとに行います。各ネットは、フラット・モードで抽出されます。これは、ネットの寄生抵抗がネットが始まるトップ・セルに割り当てられているからです。HIPEX-R の結果は、インクリメンタルな抵抗素子データベース(RDB)に保存されます。その中には、サブネット情報および寄生抵抗の値が含まれます。

HIPEX Netlister は、HDB、CDB、および RDB のデータを使用して、寄生素子ネットリストを3つのフォーマット(SPICE、DSPF、SPEF)で生成します。SPICE ネットリストに、寄生容量素子または寄生抵抗素子のみを含むことも、分散 RC ネットワークのように両方を含むことも可能です。出力される容量素子をカップリングまたはグラウンド処理することができます。また、上述のように、ネットリストをスキマティック・ネットリストで使用している名前に基づいてバックアノテートすることも可能です。

3. 新しいレイヤ・マッピング機能

HIPEX-NET のマッピング

大多数のレイアウト・ファイルでは GDSII フォーマットが採用されています。このフォーマットの1つの問題点は、レイアウト・レイヤに

は識別のために整数番号が振られているだけで、レイヤ名がないことです。そのために、GDSII ツールを使用するユーザは、レイヤの GDS 番号とレイヤ名(レイヤ・マップ)の対応関係を構築せざるを得ません。当初の HIPEX では、2段階のマッピング処理を採用していました。それは、最初に、GDS 番号を SLF 名にマッピングして、次に、SLF 名を HIPEX レイヤ名にマッピングする方法です。従って、通常2つの異なるファイルが生成されます。しかし、SLF フォーマットは広く使用されていないため、新しく1段階のマッピング方法を導入しました。この新しいマッピングのコマンドは、次のようなシンタックスです。

```
hipex layer
  /gds_layer=<integer>
  /gds_type=<integer[, integer, ...] >
  /geom_layer=<string>
  /text_layer=<string>;
```

このコマンドにより、/gds_layer で指定された番号と/gds_type で指定されたタイプを持つ GDS レイヤは、/geom_layer と/text_layer で指定された HIPEX レイヤにマッピングされます。HIPEX では、レイヤを形状レイヤとテキスト・レイヤに分けて扱うので、/geom_layer には形状データが、/text_layer にはテキスト・データが含まれます。オプション/geom_layer や/text_layer は省略可能です。その場合、対応する GDS レイヤのデータは HIPEX に転換されません。このコマンドの使用例を次に挙げます。

```
hipex layer
  /gds_layer= 9
  /geom_layer="FMET"
  /text_layer="FMET_HPX_TEXT";
```

このコマンドにより、番号9とすべてのタイプを保持する GDS レイヤの形状オブジェクトが、HIPEX の形状レイヤ FMET に、そしてテキスト・オブジェクトが HIPEX のテキスト・レイヤ FMET_HPX_TEXT にマッピングされます。

また、次のコマンドでは、

```
hipex layer
  /gds_layer= 31
  /gds_type=1
  /text_layer="Text_31";
```

番号31でタイプ1の GDS レイヤからテキストのみが、HIPEX のテキスト・レイヤ Text_31 にマッピングされます。

HIPEX-C のマッピング

HIPEX-C 用のマッピング・コマンドも同様に改良され、マッピング処理が簡素化しました。HIPEX-NET から HIPEX-C へのレイヤ・マッピングの新しいシンタックスは次のとおりです。

```
cup layer <string> [/hipex_layer=
<string>[, <string>, ...];
```

最初の<string>パラメータは HIPEX-C のレイヤ名で、対応する HIPEX-NET のレイヤ名は /hipex_layer オプションで指定します。 /hipex_layer オプションを省略すると、パラメータ<string>は、 HIPEX-C と HIPEX-NET で同じレイヤ名になります。複数の HIPEX-NET レイヤを 1 つの HIPEX-C レイヤに、1 つのコマンドでマッピングできます。その場合、すべての HIPEX-NET レイヤを、 /hipex_layer オプションにリストアップしなければなりません。たとえば、次のコマンドでは、2 つの HIPEX-NET レイヤ PSUB と NWELL を 1 つの HIPEX-C レイヤ SUBS にマッピングしています。

```
cup layer SUBS /hipex_layer= PSUB,NWELL;
```

4. 寄生素子抽出の改良

今回の改良/変更は、寄生素子抽出に関しても行いました。

HIPEX-C

新しいコマンドを用意しました。このコマンドによって、縦方向のシールドリングと電荷共有効果をモデリングするための効果的な手段が使用できます。

HIPEX-C は CDB を生成し、寄生容量素子のすべての情報を保持します。そして、HIPEX Netlister はこのデータベースを使用して、寄生容量素子のデータを SPICE、DSPF、SPEF ファイルに出力します。

HIPEX-R

新しい HIPEX-R コマンドのシンタックスも簡素化しました。HIPEX-R の前バージョンと同様、2 種類のコマンドがあります。1 つは、ワイヤの寄生抵抗素子を設定し、もう 1 つはコンタクト寄生抵抗素子を設定します。改良点は、寄生抵抗のボディ・レイヤと端子レイヤに対して名前を自動生成することです。この新しい抵抗素子のコマンドは、次のようなシンタックスです。

```
rpx define_parasitic wire
  /layer=<string>
  /contact_cluster = <double>
  /contact_oversize = <double>
  /pres_sheet_resistivity_value=<double>
;

rpx define_parastic contact
  /layer=<string>
  /top=<string>
  /bottom=<string>
  /pres_area_resistivity_value = <double>;
```

1 つのコンタクト・レイヤで、複数の異なるレイヤ・ペアを接続することが可能なので、寄生コンタクト抵抗のコマンドには、接続されるレイヤを設定する 2 つのパラメータが追加されています。それは、上記コマンドの /top と /bottom のパラメータです。

HIPEX-R はフラットなネットに対して抽出を実行します。そのため、内部アルゴリズムを簡素化でき、寄生素子抽出を正確に高速に処理できます。HIPEX-R の結果は、インクリメンタルなデータベース RDB に保存されます。

RDB には、すべてのサブネット情報と寄生抵抗素子の値が含まれます。Netlister は RDB を使用して、寄生抵抗素子をネットリストに出力します。

5. HIPEX Netlister

Netlister が HIPEX フローの新しくなった点です。HIPEX Netlister は、すべてのネットリストをファイル・フォーマット(SPICE、DSPF、SPEF)で出力処理します。出力には、HDB、CDB、RDB データベースを使用します。したがって、HDB、CDB および RDB が使用可能なときはいつでも、ネットリストを出力できます。

寄生素子のネットリストに関して、CDB と RDB が存在する場合、RC 分散処理が可能です。

ネットリスト出力に対する Netlister のコマンドには 2 種類あります (SPICE フォーマット、および DSPF/SPEF フォーマット)。

SPICE フォーマットで出力するためのコマンドは次のとおりです。

```
netlist spice
  [/hier | /flat]
  [/norc | /c | /r | /rc | /rcc [/
nets=...]]
  [/noba | /ba]
  <file_name>;
```

このうち、/hier、/norc、/noba がデフォルト設定です。

オプション /hier と /flat で、階層ネットリスト、またはフラット型ネットリストを出力するかを設定します。

オプション /norc は、寄生素子の出力を無効にします。

オプション /c、/r、/rc、/rcc、/nets=...は、寄生素子の出力を設定します。CDB が存在する場合、寄生容量素子を出力できます。同様に、RDB が存在する場合、寄生抵抗素子を出力できます。

オプション /c は、寄生容量素子の出力のみを設定します。

オプション /r は、寄生抵抗素子の出力のみを設定します。

オプション /rc は、容量素子をグラウンド処理した分散 RC ネットワークの出力を設定します。

オプション /rcc は、容量素子をカップリング処理した分散 RC ネットワークの出力を設定します。

オプション /nets=は、カップリング容量素子が出力される寄生素子のネットのリストを設定します。ここで設定しないその他の寄生素子ネットの容量素子はグラウンド処理されます。このオプションを省略すると、すべての寄生素子ネットの容量素子をカップリング容量素子として出力します。

オプション /noba または /ba は、出力するネットリストをバックアノテーション・モードにするかどうかを設定します。

DSPF および SPEF ファイルは、次のコマンドにより出力されます。

```
netlist parastic
  [/file_path=<directory_name>]
  [/dspf | /spef]
  [/cc [/nets=...]]
  [/noba | ba]
  [/cell=<cell_name>]
```

オプション /file_path で、DSPF または SPEF ファイルの出力先のパスを設定します。

オプション /dspf と /spef で、ファイル・フォーマットを設定します。

オプション /cc で、/nets オプションでリストアップされるネットをカップリング容量素子として設定します。

/nets オプションが省略されると、すべての容量素子はカップリング容量素子と認識されます。

オプション /noba または /ba は、出力するネットリストをバックアノテーション・モードにするかどうかを設定します。

オプション /cell は、トップ・セルと認識されるセル名を設定します。トップ・セルのデフォルト設定値は、HDB より取ります。出力されるファイル名は、<top_cell_name>.dspf または <top_cell_name>.spef となります。

6. まとめ

最近の改良により、HIPEX はますます強力で柔軟なツールになりました。新しい HIPEX 抽出フローにより、HIPEX の使用方法が簡素化し、より正確で高速な寄生素子抽出が可能になります。