



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2014
<b>Local</b>	Porto Alegre
<b>Título</b>	Método de Equivalência P Baseado em Grafo de Mintermos e Variáveis
<b>Autor</b>	RÉGES EDUARDO OBERDERFER JÚNIOR
<b>Orientador</b>	RENATO PEREZ RIBAS

A metodologia *standard cells* é a principal adotada no fluxo de circuitos integrados digitais. Esse fluxo pode ser, de forma geral, dividido em duas etapas: síntese lógica e síntese física. A tarefa da síntese lógica é transformar o projeto de um circuito representado por uma descrição de alto nível (comportamental), por exemplo, formato RTL, em um circuito mapeado. A síntese lógica, por sua vez, pode ser vista também em etapas que são independente e dependente de tecnologia. O mapeamento tecnológico é o processo de escolha mais adequada de células (portas lógicas), presentes em uma biblioteca de referência, para compor a funcionalidade de um grafo sujeito. Esta é uma das mais importantes tarefas na etapa dependente de tecnologia. O teste de equivalência de funções booleanas é usado no mapeamento tecnológico para substituir o grafo sujeito por células de custo mínimo de projeto. Neste contexto, a equivalência P de funções booleanas determina, por permutação de variáveis, se uma função é equivalente à outra.

Este trabalho apresenta um novo método de equivalência P baseado na geração de um grafo de mintermos e variáveis (GMV) [1]. O GMV é construído a partir da tabela verdade de uma função booleana. Para cada um dos mintermos e para cada uma das variáveis da tabela, é criado um nodo no GMV. Para cada variável com valor 1 na linha de um mintermo, é criada uma aresta entre os nodos dessa variável e desse mintermo.

A ideia básica desta abordagem é descrever as informações essenciais de uma função booleana em um GMV, que é reduzido com o propósito de determinar classes de equivalência P. Para fazer isso, nodos do GMV são removidos, propagando informação para seus vizinhos. Esse é um algoritmo promissor porque usa informações intrínsecas de funções booleanas.

O algoritmo de equivalência P consiste na redução de um GMV gerado de uma função booleana. A partir da aplicação de um conjunto de regras de redução no GMV, números reais são extraídos, identificando o processo de redução único da classe P da função booleana. Cada nodo do grafo tem seu próprio valor, calculado a partir de sua vizinhança e do seu tipo, e pode ser um nodo gerado por um mintermo ou por uma variável. Os nodos das extremidades do grafo que têm grau igual a um são removidos primeiro, até que se chegue num ciclo. No caso de restarem apenas ciclo(s) neste processo de remoção, o nodo de maior valor é removido para quebrar o ciclo. Na sequência, os nodos das extremidades após a quebra continuam a ser removidos até que não haja mais arestas no grafo. Os valores dos nodos restantes determinam a assinatura da função booleana inicial.

A partir da implementação deste método, foram feitos testes para todas as funções de três e quatro entradas, para todas as funções da classe de equivalência NPN de cinco variáveis e para um milhão de funções de seis entradas. Os tempos médios de execução, para um processador i5, foram de 62, 71, 91 e 284 microssegundos para as funções de três, quatro, cinco e seis entradas, respectivamente. Esses resultados são muito promissores, pois se pode notar que este método de equivalência P é rápido para funções de até seis variáveis.

Este trabalho propôs um novo método para determinar equivalência P entre funções booleanas. O método proposto usou o GMV para representar apenas as informações essenciais de funções booleanas. Consequentemente, os tempos de computação resultantes são rápidos para funções booleanas de até seis variáveis. A implementação do algoritmo não foi exaustivamente otimizada, então ainda há espaço para futuras melhorias de desempenho.

[1] A. S. Silva, A. Reis e R. Ribas 2013. Fast and Effective P-Matching Method Based on Bipartite Graph. Em Microelectronics Students Forum, Setembro de 2013.