

# カスケード TMR に対する可変長遺伝的アルゴリズムを用いた 最適構成探索に関する検討

日大生産工(学部) ○北原 峻太郎  
日大生産工 新井 雅之

## 1 まえがき

近年の半導体デバイス開発・製造において、微細化や開発期間の短縮要求により、開発初期段階の歩留りの低下が問題となっている[1]。歩留り改善手法として、カスケードTMRの適用が考えられる[2]。文献[3]では、与えられたステージ数を持つカスケードTMRに対して、信頼度とコストのトレードオフを考慮した最適構成探索法が示されている。

本研究では、ステージ数を任意に変更できる状況を想定し、可変長遺伝的アルゴリズムを用いたカスケードTMRの最適構成探索について検討する。コストと信頼性のトレードオフを考慮した評価関数を用いて探索を行い、その有効性を示す。

## 2 カスケードTMR

### 2.1 カスケードTMRの概要

カスケードTMRとは複数の3重冗長構成 (Triple Modular Redundancy : TMR)を直列に接続したシステムである。図1(a)に、パイプラインプロセッサの各ステージにTMRを適用したカスケードTMRの構成例を示す。ステージ数を $n$ とする。各ステージの入出力は3本に複製され、あるステージの3本の出力が次のステージへの入力となる。なお、最終出力としては、高い信頼度のポータによる多数決結果が出力されるものとする。

各ステージの内部構造として、図1(b)に示す12種類の構造を考える[3]。ステージ内のモジュールは基本的に3重化される。各モジュールの出力に基づいて、ポータ $v$ によって多数決が行われステージの出力が決まる。構造1, 2及び3では、モジュールは1個だけであり、TMR構成とはなっていない。構造4, 5及び6ではポータを1個、構造7, 8及び9ではポータを2個使用している。構造10では、モジュールの結果を多数

決処理せずにそのまま出力する。構造11では全てのモジュールの多数決結果を複製し出力している。構造12は、3個の異なるポータによる多数決結果を出力する。

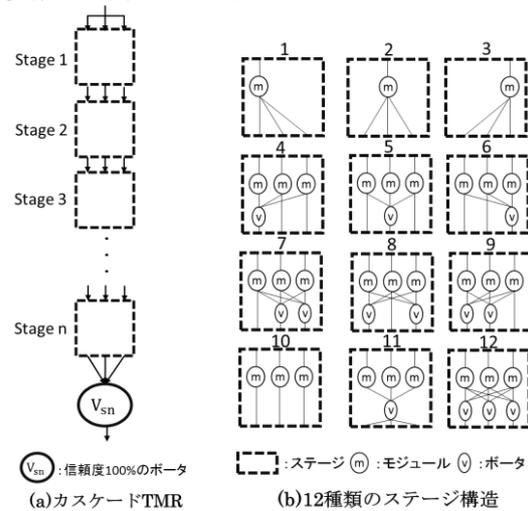


図1. パイプラインプロセッサに対する  
TMRの適用と各ステージの構造

### 2.2 カスケードTMRにおけるテストエスケープと評価尺度

各モジュール、ポータに対して、出荷前にテストが実行されるが、テストにおいて故障が見逃される可能性がある。見逃された故障によって出荷後に出力が誤るチップをテストエスケープチップと呼ぶ。

本稿では、カスケードTMRシステムの評価尺度として、欠陥レベル (DL: Defect Level) と良品 1 チップあたりの面積 (APY: Area Per Yield) を用いる。欠陥レベルは、信頼性に関する尺度であり、出荷されたチップ100万個あたりのテストエスケープチップ数として求まる。良品 1 チップあたりの面積は、コストに関する評価尺度であり、チップ面積を歩留りで割る事で求まる。

### 3 カスケードTMR に対する可変長 遺伝的アルゴリズムを用いた構成探索

#### 3.1 可変長TMRの概要

パイプラインのステージ数 $n$ を任意に変更できる状況を想定し、可変長遺伝的アルゴリズムを用いて構成探索を行う。以下に、本稿で用いた可変長遺伝的アルゴリズムを示す。

はじめに、親集団の遺伝子をランダムに100個生成する。ステージ数は $n=10\sim 50$ の範囲とした。これらの親集団の遺伝子に対し、以下の評価関数に基づいて評価値を求め、遺伝子を降順にソートする。

$$func\_fitness = \frac{1}{APY_{chip} + \alpha \cdot DL_{chip} \cdot \log(DL_{chip})} \quad (1)$$

評価値に基づいて、上位10個の遺伝子をエリート選択する。次に、60個を多項交叉によってから生成する。ここで、異なるステージ数の遺伝子同士の交叉を行う場合、長い遺伝子の方を短い方の遺伝子に長さを合わせるといった手法をとっている。さらに30個の遺伝子を新しくランダムに生成する。次に、1個の遺伝子に対して1箇所の突然変異を行った。これらを100世代分繰り返す。

#### 3.2 実験結果

与えられた欠陥密度 $d$ 、故障検出率 $f$ 、ボータ1個のチップ全体に対する相対面積 $Av$ に基づいて評価関数を設定し、評価を行った。

図2に、 $d=0.5, f=0.99, Av=0.00001$ とした場合の、探索中の最良の遺伝子に対するステージ数 $n$ と評価値を示す。世代数が上がるにつれて、評価値は上昇し、ステージは下がっていることが分かる。

図3に、図2と同じ探索における、最良の遺伝子に対する欠陥レベルと良品1チップあたりの面積を示す。世代数が上がるにつれて、欠陥レベルは下がり、良品1チップあたりの面積は少しずつ上がっている。

図4に、欠陥密度を0.1, 0.2, 0.5, 1.0, 2.0, 5.0, 10.0と変化させ、その時の欠陥レベルと良品1チップあたりの面積を比較したグラフを示す。欠陥レベル及び良品1チップあたり面積とも、欠陥密度が下がるにつれ、全体的に低下していることが分かる。

#### 4 まとめ

本研究では、カスケードTMRのステージ数が可変長である場合について、可変長遺伝的アルゴリズムに基づく構成探索を適用した。今後、遺伝的アルゴリズムのパラメータのチューニ

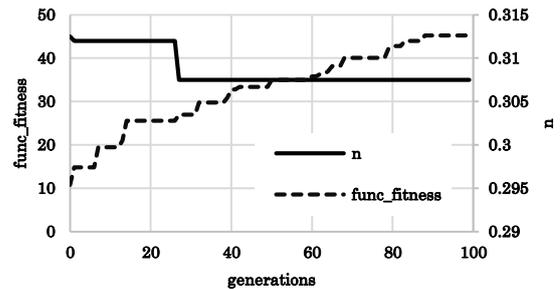


図2. 各世代の最良の遺伝子に対するステージ数と評価値  
( $d=0.5, f=0.99, Av=0.00001$ )

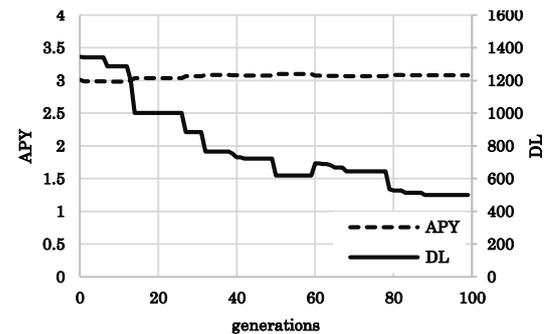


図3. 各世代の最良の遺伝子に対する欠陥レベルと良品1チップあたりの面積  
( $d=0.5, f=0.99, Av=0.00001$ )

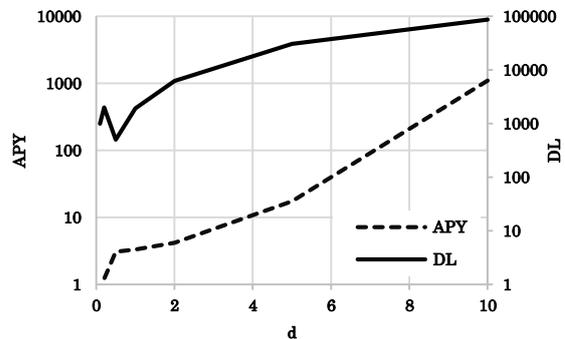


図4.  $d=0.1$ から  $d=10$ まで変化させた場合の、欠陥レベルと良品1チップあたりの面積  
( $f=0.99, Av=0.00001$ )

ングを行い、より良い構成の探索を進める予定である。

#### 参考文献

- [1] M. Mirza-Aghatabar, M. A. Breuer, and S. K. Gupta, "HYPER: A Heuristic for Yield/ Area improvement Using Redundancy in SoC," IEEE Asian Test Symposium, pp. 249-254, December, 2010.
- [2] M. Hamamatsu, T. Tsuchiya, and T. Kikuno, "On the Reliability of Cascaded TMR Systems," IEEE Pacific Rim International Symposium on Dependable Computing, pp.184-190, December, 2010.
- [3] 新井雅之, 井出創, 岩崎一彦, "パイプラインプロセス向けカスケードTMRにおける遺伝的アルゴリズムを用いた構成探索," 電子情報通信学会技術研究報告, DC2011-98, pp. 211-217, 2012年3月.