

混合正規分布による重点的サンプリングの 高次元ばらつき解析への適用

萩原 汐^{†1,†2} 伊達 貴徳^{†1} 上 園 巧^{†3,†4}
益 一 哉^{†1} 佐藤 高史^{†3}

微細化に伴う製造ばらつきの相対的増大による歩留まり低下を防止するため、設計時に歩留まりを見積もる手法が必要とされている。見積もり手法の1つに Monte Carlo 法があるが、生起確率の低い事象に対して収束が遅いという課題がある。この収束を速める方法として重点的サンプリングがあるが、サンプリングに用いる確率密度関数 $g(\boldsymbol{x})$ を適切に選択しないと効果が得られない。そこで本稿では、 $g(\boldsymbol{x})$ として混合正規分布を使う場合に、 $g(\boldsymbol{x})$ を決定する手法を提案する。提案手法ではクラスタリングにより $g(\boldsymbol{x})$ を構成する正規分布の数を決め、二分法により不良領域境界を探索し、各々の正規分布の平均値を決める。提案手法により求めた確率密度分布 $g(\boldsymbol{x})$ は良品/不良品領域の境界付近で多くのサンプルを得ることができるので、効率的に不良率を見積もることができる。また、6-24次元における SRAM セルの不良率を提案手法により算定し、従来の Monte Carlo 法と比較し計算時間を2桁から5桁削減できることを確認した。

Application of Importance Sampling using Contaminated Normal Distribution to Multidimensional Variation Analysis

SHIHO HAGIWARA,^{†1,†2} TAKANORI DATE,^{†1}
TAKUMI UEZONO,^{†3,†4} KAZUYA MASU^{†1}
and TAKASHI SATO^{†3}

Process variation by miniaturization has been inducing yield degradation. Design-time yield estimation is required. Monte Carlo method, which is one of the effective yield estimation methods, has a problem that its convergence becomes slower when analyzing a low probability event. Although importance sampling can overcome this problem, it is valid only when the alternative probability density function, $g(\boldsymbol{x})$, is appropriate. This paper proposes a procedure

to determine appropriate $g(\boldsymbol{x})$ when $g(\boldsymbol{x})$ is a mixture gaussian distribution. In the proposed procedure, clustering result determines the number of normal distributions constructing $g(\boldsymbol{x})$ and mean of each gaussian is determined through bisection method. $g(\boldsymbol{x})$ determined by the proposed procedure can sample near the boundary of failure region and this accelerates yield estimation by importance sampling. SRAM yield estimations of 6 to 24 dimensions are also conducted as examples. The number of Monte Carlo trials has been reduced by 2-5 orders compared to a crude Monte Carlo simulation.

1. はじめに

集積回路プロセスの微細化が進むにつれ、デバイス特性の相対的なばらつきが大きくなり、製品の歩留まりに及ぼす影響が顕著になっている。歩留まり向上のため、製造ばらつきを考慮して設計を行うことが重要である。なかでも SRAM などのメモリモジュールは、高い集積度と高いセル歩留りの両立が求められる。例えば、10 Mbit の SRAM を不良率 0.1% 以下になるように設計するには SRAM セル単体の不良率を 10^{-10} 以下にする必要がある [4]。設計時から不良率を見積もり、高歩留まりを保証しなければならない。

設計時に不良率を見積もる代表的な手法が Monte Carlo 法がある。Monte Carlo 法は実装が容易であること、計算時間に応じた精度を得られること [5] から不良率推定手法として広く用いられている。しかし、SRAM セルの不良のような生起確率が低い事象に対しては収束が遅く、実用上十分な精度を得るには多大な計算時間が必要になる。

Monte Carlo 法の収束を速める手法として、重点的サンプリングがある [5]。適切な確率密度関数を使って重点的サンプリングを実行すれば理論上分散を 0 にすることができる。しかし、最適な確率密度関数を求めることは不良分布を求めることと等価であり、これは困難である。そのため、重点的サンプリングに使う確率密度分布の決定方法が多く提案されている [1, 3, 4, 6, 8]。

本研究グループでは、拡大サンプリングと縮小サンプリングにより最小ノルムのサンプルを探索し、平均値移動による重点的サンプリングで不良率を推定する手法を提案した [2]。サンプル数を従来の Monte Carlo 法と比べ 6 桁削減できるが、不良領域が複数存在する場

†1 東京工業大学 統合研究院 Integrated Research Institute, Tokyo Institute of Technology

†2 日本学術振興会特別研究員 DC Research Fellow of the Japan Society for the Promotion of Science

†3 京都大学大学院 情報学研究科 Graduate School of Informatics Kyoto University

†4 日本学術振興会特別研究員 PD Research Fellow of the Japan Society for the Promotion of Science

合に対応していないため、回路の対称性等を予め知っておく必要があった。そこで、[9]ではクラスタリングを併用することで、複数の最小ノルムのサンプルを探索し、混合正規分布による重点的サンプリングを実行する手法を提案した。しかし、クラスタリングに使うサンプルを検出するのに多くのサンプルが必要であることが欠点であった。本稿では [9] について、

- 拡大サンプリングのサンプリング領域を超球殻にし、クラスタリングには拡大サンプリングから得た不良サンプルを利用する。
- 縮小サンプリングではなく二分法により最小ノルムサンプルを探索する。

という改良を行い、重点的サンプリングに使用する確率密度分布（代替分布）をより効率的に決定する手法を提案する。更に、適用例として SRAM の不良率算定を行う。文献 [2, 9] では閾値ばらつきのみを考慮した 6 次元の問題のみへの適用であったが、本稿では、ゲート長等もばらつき変数として扱うことで計 24 次元までのばらつき解析を行い、Monte Carlo 法による算定結果との比較により次元数が増加しても提案手法が効率的な重点的サンプリングを実行できることを示す。

本稿の構成は以下の通りである。まず、2 章で重点的サンプリングについて説明し、3 章で提案手法による重点的サンプリングの実行方法を説明する。4 章で SRAM 回路の歩留まり解析を例に提案手法の計算精度と速度の評価をし、5 章で今後の課題と結論を述べる。

2. Monte Carlo 法による不良率推定

本章では従来 Monte Carlo 法による不良率推定方法とその欠点について述べ、その欠点を補う手法として重点的サンプリングを説明する。

2.1 従来 Monte Carlo 法

製造ばらつきによりデバイスパラメータ x が確率密度関数 $p(x)$ でばらつくとき、不良率 P は下式の積分で計算できる。

$$P = \int \mathcal{J}(x) \cdot p(x) dx \quad (1)$$

ここで $\mathcal{J}(x)$ は良品 (0) か不良品 (1) を示す関数であり、例えば指標関数 $f(x)$ が閾値 f_{th} 以下のとき不良品と判定する場合、

$$\mathcal{J}(x) = \begin{cases} 1 & f(x) > f_{th} \\ 0 & f(x) \leq f_{th} \end{cases} \quad (2)$$

と表される。

式 (1) を従来 Monte Carlo 法で計算する場合、その推定値 P_{MC} は

$$P_{MC} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathcal{J}(x_i) \quad (3)$$

で得られる。ただし N は試行回数であり、 x_i は $p(x)$ に沿う乱数である。このとき、推定値 P_{MC} の分散 $\text{Var}(P_{MC})$ は次式で表される [3]。

$$\text{Var}(P_{MC}) = \frac{1}{N} (P_{MC} - P_{MC}^2). \quad (4)$$

高い推定精度を得るには分散 $\text{Var}(P_{MC})$ を小さくする必要がある。そこで、標準偏差 $\sqrt{\text{Var}(P_{MC})}$ を推定値の平均 $\overline{P_{MC}}$ で割った $\rho(P_{MC})$ を収束率と呼び、要求精度を満たす収束率を求め、これを収束条件とする。

推定値 P_{MC} が正規分布に沿い、その平均値 $\overline{P_{MC}}$ が真値と等しいとすると、 $100(1-\epsilon)\%$ の信頼度で誤差 $\pm 100\delta\%$ にするための収束率 ρ_0 は次式で求められる。

$$\rho_0 = -\frac{\delta}{\Phi^{-1}(\epsilon/2)}. \quad (5)$$

ただし、 $\Phi^{-1}(p)$ は一次元累積確率密度関数の逆関数である。例えば 95% の信頼度 ($\epsilon = 0.05$) で誤差を $\pm 20\%$ 以内に収束率は $\rho \leq 0.10$ と計算できる。

また、式 (4) より、

$$N_{MC} = \frac{1 - P_{MC}}{\rho^2 P_{MC}} \simeq \frac{1}{\rho^2 P_{MC}} \quad (6)$$

であり、従来の Monte Carlo 法では不良率が小さくなると、必要な試行回数 N は反比例して増える。歩留まりの高くなるほど、高い精度で不良率を求めることは困難になることがわかる。

2.2 重点的サンプリング

Monte Carlo 法の分散低減法の 1 つに重点的サンプリングがある [5]。重点的サンプリングでは式 (1) を

$$P = \int \mathcal{J}(x) \cdot \frac{p(x)}{g(x)} \cdot g(x) dx = \int \mathcal{J}(x) \cdot w(x) \cdot g(x) dx \quad (7)$$

と変形し、確率密度関数 $g(x)$ に従う乱数を使って P を推定する。重点的サンプリングによる P の推定値 P_{IS} は

$$P_{IS} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathcal{J}(x_i) w(x_i) \quad (8)$$

で得られる。 P_{IS} の分散 $\text{Var}(P_{IS})$ は、

$$\text{Var}(P_{IS}) = \frac{1}{N} \left(\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathcal{J}(x_i) \cdot w(x_i)^2 - P_{IS}^2 \right). \quad (9)$$

と計算される。

ここで, $g(x) = c\mathcal{J}(x)p(x)$ であるとき (c は正の定数), 分散 $\text{Var}(P_{IS})$ は,

$$\text{Var}(P_{IS}) = \text{Var}\left(\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \mathcal{J}(x_i)w(x_i)\right) = \text{Var}(1/c) = 0. \quad (10)$$

よって $\mathcal{J}(x)p(x)$ と比例するような確率密度関数 $g^*(x)$ を使ってサンプリングすれば, 分散を 0 にすることができる. しかしそのような $g^*(x)$ は不明であるため, 実際には $g^*(x)$ に近い確率密度分布を推測し, $g(x)$ として用いることになる. $g(x)$ の決定方法は様々なものが提案されている. 本稿では $g(x)$ として混合正規分布を用いる.

3. 提案する重点的サンプリング適用手法

本章では提案手法により重点的サンプリングで使用する確率密度分布を求める手順を説明する. なお, 本稿では d 次元の確率変数 x の確率密度関数 $p(x)$ が標準正規分布にである場合について述べる.

$$p(x) = \frac{1}{(2\pi)^{d/2}} \exp\left[-\frac{x^T \cdot x}{2}\right]. \quad (11)$$

$p(x)$ は原点に近い程大きい値をとること, 一般に不良はある境界より外側で発生することから, $g^*(x)$ は正規分布の裾野を境界で切り取った形状をなすと考えられる. そこで本稿では, 原点に近い境界付近を中心とした複数の正規分布からなる混合正規分布を $g(x)$ として用い, 重点的サンプリングを実行することを提案する. 提案手法ではまず, (1) 拡大サンプリングで原点に近い方から不良サンプルを探す. 次に (2) 見付かった不良サンプルをクラスタリングして混合正規分布を構成する正規分布の数を決め, 最後に (3) 二分法で各正規分布の平均値を決める.

3.1 拡大サンプリング

まず原点に近い不良領域を見付けるため, 図 1 のように半径 r の超球面 $S(r)$ をサンプリング範囲とし, r を 1 ずつ大きくしながら不良サンプルを探索する. 試行回数 n_s は半径 r に関わらず一定とする. 不良サンプル数が n_f に満たない場合は, n_f 個の不良サンプルが見付かるまで半径 r を 1 ずつ大きくしてサンプリングを繰り返す.

拡大サンプリングの終了条件 n_f は, 以下のように決める. 各超球面での試行回数 n_s とすると, 面積が超球面の $1/n_s$ の不良領域は見落とす可能性がある. この領域の見付かった不良領域に対する割合 n_f/n_s が e 未満になるようにするには,

$$\begin{aligned} 1/n_s &< e \cdot n_f/n_s \\ n_f &> 1/e \end{aligned} \quad (12)$$

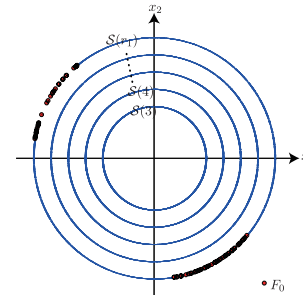


図 1 拡大サンプリング.

Fig. 1 Incremental hypersphere sampling.

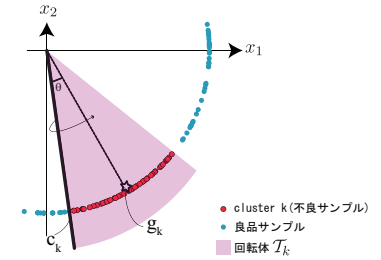


図 2 回転体 T_k の定義.

Fig. 2 Definition of solid of revolution T_k .

を満たす n_f を選ばば良い. ただしこの終了条件は小さな不良領域が多く存在する場合は想定していない.

n_f 個以上の不良サンプルの見付かった超球面の半径を r_1 とし, $S(r_1)$ で見付かった不良サンプルの集合を F_0 とする.

3.2 クラスタリングと二分法による最小ノルムサンプルの探索

拡大サンプリングで見付かった不良サンプルの集合 F_0 を最長距離法でクラスタリングする. 距離はコサイン距離とし, 閾値は 1 とする (同じクラスタに属するサンプルの最大距離が 1 以下になる).

クラスタ k ($k > 1$) の重心を g_k , g_k に最も近い良品サンプルを c_k とし, g_k と c_k の成す角を θ_k とする.

$$\theta_k = \arccos\left(\frac{g_k \cdot c_k}{|g_k||c_k|}\right) \quad (13)$$

半直線 c_k を直線 g_k を軸に回転させた回転体 T_k を定義し (図 2), 半径 r の超球面が T_k で切り取られる面を $D_k(r)$ とする. この $D_k(r)$ を使って, 以下の手順で二分法により各クラスタ毎に良品/不良品の境界線を探索する.

- 1: $r_{max} = r_1$
- 2: $r_{min} = 0$
- 3: **repeat**
- 4: $r = (r_{max} + r_{min})/2$
- 5: $S_{fail} :=$ a set of failure samples found in $D_k(r)$

```

6:  if the number of  $S_{fail} > 0$  then
7:     $r_{max} := r$ 
8:     $F_k := S_{fail}$ 
9:  else
10:    $r_{min} := r$ 
11:  end if
12: until  $r_{max} - r_{min} > r_{th}$ 
13:  $m_k := \underset{s}{\operatorname{argmax}} f(s) \quad s \subseteq F_k$ 

```

ここで、5 行目のサンプル数は、 $n_s \cdot (\theta_k / \pi)$ とする。 r_{max} と r_{min} の差が閾値 r_{th} を下回ったら、境界の範囲が絞り込めたと判断し、二分法を終了する (12 行目)。閾値 r_{th} は本稿では 0.1 とした。

最後に 13 行目で、 $\mathcal{D}_k(r_{max})$ で見付かった不良サンプルの中で最も指標関数 $f(x)$ が閾値 f_{th} にサンプルを m_k とする。

3.3 重点的サンプリングによる不良率算定

3.2 で得られた m_k を平均値移動ベクトルとして用い、多変量混合正規分布 $m(x)$ により重点的サンプリングを行う。多変量混合正規分布 $m(x)$ は次式で示せる。

$$m(x) = \frac{p(m_1)}{\sum_{k=1}^{n_c} p(m_k)} \cdot p(x - m_1) + \frac{p(m_2)}{\sum_{k=1}^{n_c} p(m_k)} \cdot p(x - m_2) + \dots + \frac{p(m_{n_c})}{\sum_{k=1}^{n_c} p(m_k)} \cdot p(x - m_{n_c}). \quad (14)$$

ただし n_c はクラスタ数を示す。

重点的サンプリングの試行は推定値 P_{IS} の収束率 $\rho(P_{IS})$ が制約 ρ_0 以下となった時点で終了する。

4. SRAM の歩留まり解析への適用

本章では図 3 のような 6 トランジスタ SRAM セルの閾値、ゲート長、移動度、酸化膜厚が変動するときの歩留まり推定を行い、提案手法の精度と速度を評価する。

トランジスタモデルは PTM 65nm [7] を使用し、各トランジスタのパラメータが表 1 に示す平均値及び標準偏差の正規分布でばらつくことを想定する。表 1 で nMOS の値が 2 つ書いてあるものは順に access tr., driver tr. の値を示す。また不良判定については SNM が 0 未満になるとき不良と判定する。提案手法及び従来 Monte Carlo 法を使って、6 次元 (閾

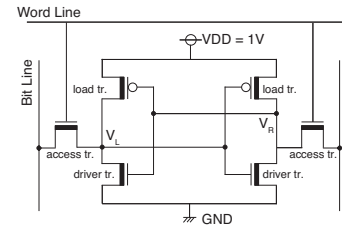


図 3 SRAM セルの回路図。

Fig. 3 Schematic of SRAM cell.

表 1 使用した SRAM のトランジスタのパラメータ
Table 1 Parameters of transistors in SRAM.

	nMOS		pMOS	
	平均値	標準偏差	平均値	標準偏差
閾値 (mV)	-	18.0, 22.0	-	30.0
ゲート長 (nm)	65.	1.	65.	1.
移動度 (mm ² /Vs)	4.91	0.50	0.574	0.054
酸化膜厚 (nm)	1.85	0.04	1.950	0.042
ゲート幅 (nm)	110, 120	-	80	-

値)、12 次元 (+ゲート長)、18 次元 (+移動度)、24 次元 (+酸化膜厚) で不良率推定を行い、推定精度と速度を評価する。

重点的サンプリング及び Monte Carlo 法実行時の収束条件は収束率 ρ (推定値の標準偏差 ÷ 推定値の平均値) が $\rho < 0.1$ となるときとした。これは、95% の信頼度 ($\epsilon = 0.05$) で誤差を $\pm 20\%$ 未満にすることに相当する。また、提案手法において、拡大サンプリングはどの次元も半径 3 から行い、サンプル数 n_s は 6 次元 5×10^3 、12 次元 1×10^4 、18 次元 1.5×10^4 、24 次元 2×10^4 とした。

4.1 従来 Monte Carlo 法との比較による精度評価

それぞれの次元数で不良率推定を行う際に要したサンプル数と推定結果を表 4 に示す。提案手法は違う乱数列を用いて 20 回の推定を行ったときの推定値の中央値及びサンプル数の最大値・最小値を、従来 Monte Carlo 法は 1 試行の推定値とサンプル数を示している。従来 Monte Carlo 法による 6 次元及び 12 次元での解析は時間がかかり過ぎるために実行できなかったので*1、式 (6) から求めた N_{MC} をサンプル数として記載した。

従来 Monte Carlo 法の推定値 (6,12 次元では提案手法での推定値の平均値) を真値と考えたとき、95%以上の試行で誤差は 20%以下であった。これは収束条件通りの結果である。

誤差を低減したい場合は収束条件を式 (5) に従って厳しくすれば良いが、混合正規分布を構成する正規分布数 (クラスタ数 n_c) が適切で無い場合は収束条件を満たしても正しい推定値を得ることはできない。6,12,18 次元では全 20 試行でクラスタ数 $n_c = 2$ 、24 次元では 18 試行で $n_c = 2$ 、2 試行で $n_c = 3$ であった。拡大サンプリングのサンプル数 n_s が不十分であると、考慮すべき不良領域を見落とし推定値が小さくなってしまふ (例えば、2 箇所あ

*1 1 サンプルあたり 2.5ms かかるとすると、 $3.1e+08$ のサンプルを得るためには 9 日間弱必要である

表 2 提案手法及び Monte Carlo 法による SRAM 歩留まり解析の計算結果とサンプル数
Table 2 Comparison of estimation results and number of samples.

次元数	Monte Carlo 法		提案手法				
	p	サンプル数	p	サンプル数			総計
				IHS	二分法	IS	
6	-	(1.8e+10)	5.6e-09	25.0k	11.8k - 13.1k	0.8k - 2.0k	38.0k - 39.9k
12	-	(3.1e+08)	3.3e-07	50.0k	29.0k - 33.2k	0.6k - 2.9k	80.1k - 84.2k
18	1.2e-06	8.7e+07	1.2e-06	75.0k	31.2k - 52.2k	1.4k - 20.6k	122.1k - 140.5k
24	1.5e-06	6.6e+07	1.5e-06	120.0k	75.1k - 114.2k	1.3k - 56.7k	197.9k - 251.8k

IHS: 拡大サンプリング, IS: 重点的サンプリング

る不良領域の内片方を見落とすと約 1/2 になる)。このような現象が起きない最小のサンプル数で拡大サンプリングを行うべきだが、そのサンプル数の決定方法は今後の課題である。

同じクラスタ内のサンプル間のコサイン距離が 1 以下になるようにクラスタリングを行っているため、大きいクラスタは 2 つのクラスタに分断されてしまう。これが 24 次元での解析において、一部 $n_c = 3$ となった試行があった原因であると考えられる。必要数以上のクラスタ数になった場合は不良領域の見落としは起らないため、精度に影響は無い。提案手法で用いたクラスタリング手法は最短距離法ではなく最大距離法を採用した。これは最短距離法は併合されてきた新しいクラスタは以後の併合の対象として選ばれる可能性が加速度的に増加する [10] 性質 (空間濃縮) をもつため、別のクラスタと認識すべきクラスタが併合されてしまう可能性があるからである (最大距離法は空間拡散の性質をもつ)。

4.2 混合正規分布の標準偏差

提案手法では混合正規分布 $m(x)$ を構成する正規分布の標準偏差は 1 のまま変更していない。そこで、異なる標準偏差を用いた場合に重点的サンプリングのサンプル数がどう変化するかを調べた。結果を図 5 に示す。各点は 20 試行の平均値を示している。どの次元においても標準偏差が 1.0~1.2 のときのサンプル数が最も少なく、前章の例では標準偏差として 1 を使うことは妥当であるといえる。ただし、最適な標準偏差は問題によって異なると考えられるため、今後標準偏差の決定方法についても検討する必要がある。

4.3 次元数とサンプル数の関係

表 4.1 より計算速度すなわち使用したサンプル数について、提案手法は重点的サンプリング実行前に使用するサンプルを含めても、従来 Monte Carlo 法の 2 桁から 5 桁高速化できていることがわかる。図 4 には提案手法で使う総サンプル数と次元数の関係を示している。また、サンプル数の内訳も載せた。それぞれの値は 20 試行の中央値をとっている。いずれのサンプル数も次元数の増加に伴い増えている。その理由を以下に述べる。

拡大サンプリング及び二分法のサンプル数増加は、次元数が増えると探索する空間が大きくなり、不良サンプルが見付かりにくくなるためである。同じ密度でサンプリングするには次元数 d に対してサンプル数を $n_s \propto 2^d$ とする必要があるが、指数関数的に増やすことは限界があるため、本稿では $n_s \propto d$ としている。

解析対象が同じ場合、次元数が大きくなると不良率も大きくなるため、Monte Carlo 法に必要なサンプル数は減少する。しかし、提案手法による重点的サンプリングの必要サンプル数は逆に増えている。これは多次元において適切な $m(x)$ (もしくは m_k) が探索できていないことを示している。ここで、“適切な $m(x)$ ” とは $\mathcal{J}(x)p(x)$ との比が x によらずほぼ一定になるような $m(x)$ を指す。このことを確認するため、重点的サンプリングで発生したサンプル $\{x_f\}$ について $\frac{\mathcal{J}(x_f)p(x_f)}{m(x_f)}$ の標準偏差を計算したところ、6 次元では 2.7-3.2、12 次元では 2.8-4.6、18 次元では 2.9-11.3、24 次元では 4.1-34.5、となっており、ばらつきが大きくなっていることがわかった (いずれも平均値で正規化した値)。次元数が増すと探索空間が指数関数的に増加するため、計算時間が増えることは避けられない。その増加量は解析対象により異なるが許容できないほど増える場合は不良率に対して感度の低い変数の排除等により次元数を削減する必要がある。本論文で取り上げた例においては、図 4 の結果から d 次元での総サンプル数は $(3.2 \times 10^4) \cdot 1.08^d$ と求められた。これは 90 次元でも 1 日かからない計算となる。

4.4 既発表文献との比較

既発表の SRAM 歩留まり解析への重点的サンプリング適用手法との比較により、提案手法の高速性を示す。図 3 の SRAM について閾値がばらつくとき (6 変数) の不良率を文献 [3, 4, 9] の手法を使って推定した。表 3 に推定結果と使用したサンプル数を示す。提案手法及び文献 [9] は 20 回の中央値を、その他の手法は 3 回の中央値を載せている。

文献 [9] は 1 章で述べた改良前の提案手法である。2 点の改良により、より効率的な m の探索が実現し、本論文の提案手法は文献 [9] と比べて、探索に必要なサンプルを半減することができた。文献 [4] では標準偏差を 3 倍に拡大した正規分布を使った重点的サンプリングを行っている。文献 [3] では一様分布で原点に最近の不良サンプルを探索し、そのサンプルを平均値とする正規分布を使って重点的サンプリングを行う。本稿では一様分布の範囲を $[-10\sigma, 10\sigma]$ とし、原点に近い 2 つの不良サンプルを使って重点的サンプリングを行った。いずれの手法も従来 Monte Carlo 法より 5 桁少ないサンプル数で不良率推定ができるものの、本提案手法の倍のサンプルが必要となっている。また、文献 [4] では適切な分散の拡大率は計算対象によって異なると思われるため、対象によっては必ずしも高速化が見込めな

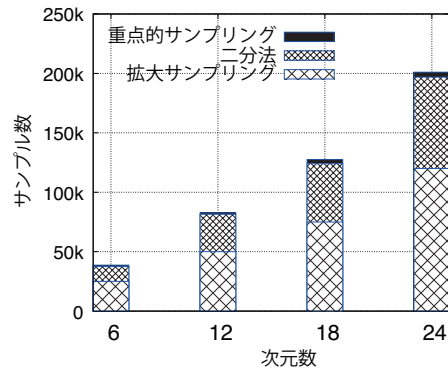


図 4 提案手法のサンプル数の内訳 .
Fig. 4 Breakdown of number of samples.

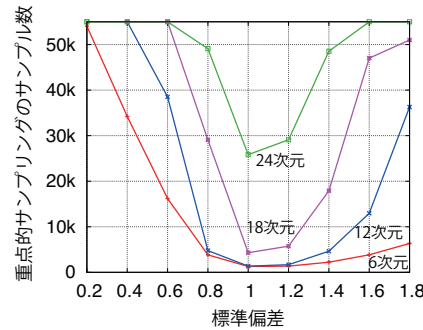


図 5 混合正規分布 $m(x)$ の標準偏差と重点的サンプリングのサンプル数 .
Fig. 5 The relation between standard deviation and the number of samples used for importance sampling.

表 3 推定結果と使用したサンプル数の比較 .

Table 3 Speed comparison with other importance sampling techniques.

	推定値 p	サンプル数		
		探索	IS	総数
提案手法 (中央値)	5.6e-9	37.5k	1150	38.6k
[9]	5.6e-9	75.3k	780	76.1k
分散拡大 [4]	5.7e-9	0	296k	296k
平均値移動 [3]	5.0e-9	10.0k	220k	230k

い . 文献 [3] での不良サンプル探索は一様分布となっているため , 次元数が増えると最小ノルムの不良サンプルを見付けることが困難になるという課題がある .

以上から他文献と比較しても提案手法による重点的サンプリングは高速であると言える .

5. ま と め

本稿では重点的サンプリングに使用する確率密度分布として混合正規分布を使うことを想定し , その混合正規分布を求める手法を提案した . 提案手法ではクラスタリングと二分法により , サンプリングに使う混合正規分布を決定する . また , 提案手法による SRAM セルの不良率推定を行い , 不良率 5.6×10^{-9} を求める際に使用するサンプル数を従来 Monte Carlo 法より 5 桁低減した . また 12-24 次元での不良率推定も行い , 提案手法が高次元にも

適用できることと , 従来 Monte Carlo 法で同じ推定値が得られることを確認した . 提案手法により , 従来の Monte Carlo 法では困難であった低不良率の回路の高次元での歩留まり推定を , 提案手法により現実的な時間で実行できるようになった .

謝辞 本研究の一部は , NEDO の支援を受け , 東京大学大規模集積システム設計教育研究センターを通じ , シノプシス株式会社の協力により行なわれた .

参 考 文 献

- 1) Chen, G., Blaauw, D., Mudge, T., Sylvester, D. and Kim, N.S.: Yield-driven near-threshold SRAM design, *Proceedings of IEEE/ACM International Conference on Computer-Aided Design*, pp.660-666 (2007).
- 2) Date, T., Hagiwara, S., Masu, K. and Sato, T.: Robust importance sampling for efficient SRAM yield analysis, *Proceedings of IEEE International Symposium on Quality Electronic Design*, pp.15-21 (2010).
- 3) Dolecek, L., Qazi, M., Shah, D. and Chandrakasan, A.: Breaking the simulation barrier: SRAM evaluation through norm minimization, *Proceedings of IEEE/ACM International Conference on Computer-Aided Design*, pp.322-329 (2008).
- 4) Doorn, T., ter Maten, E., Croon, J., DiBucchianico, A. and Wittich, O.: Importance sampling Monte Carlo simulations for accurate estimation of SRAM yield, *Proceedings of European Solid-State Circuits Conference*, pp.230-233 (2008).
- 5) Hesterberg, T.C.: Advances in Importance Sampling, PhD Thesis, Statistics Department, Stanford Univ. (1988).
- 6) Kanj, R., Joshi, R. and Nassif, S.: Mixture importance sampling and its application to the analysis of SRAM designs in the presence of rare failure events, *Proceedings of IEEE/ACM Design Automation Conference*, pp.69-72 (2006).
- 7) Predictive Technology Model (PTM): <http://ptm.asu.edu/>.
- 8) Wang, J., Yaldiz, S., Li, X. and Pileggi, L.: SRAM parametric failure analysis, *Proceedings of IEEE/ACM Design Automation Conference*, pp.496-501 (2009).
- 9) 伊達貴徳, 萩原汐, 益一哉, 佐藤高史: 超球の一部を用いた歩留り推定における不良領域の効率的探索手法, VLSI 設計技術研究会, No.462, pp.37-42 (2010).
- 10) 神島敏弘: データマイニング分野のクラスタリング手法 (2), 人工知能学会誌, Vol.18, No.1 (2003).