

# 遺伝的アルゴリズムを用いたウェーハ集積回路の再構成手法

府川 典文 金杉 昭徳

埼玉大学工学部

概要: ウェーハ上に作製したチップを切り離さずに, そのまま配線して所望の集積回路として使用するウェーハ集積回路においては, 作製過程における欠陥チップの発生は避けられず, そのため再構成をする必要がある。そこで大域的探索に優れた遺伝的アルゴリズムを用いた再構成手法を提案する。従来手法の一つであるスパイラル状結線アルゴリズムと比較した結果, 遺伝的アルゴリズムを用いた方が平均 17% 良い結果が得られ, 有効な手段であることが示された。

## A Reconfiguration of Wafer Scale Integration Using Genetic Algorithm

Norifumi Fukawa Akinori Kanasugi

Faculty of Engineering, Saitama University

abstract : Wafer Scale Integration (WSI) is fabricated by connecting good chips on a wafer in order to perform the required system. A reconfiguration process is necessary for WSI because we can not avoid bad chips. Therefor we propose a novel reconfiguration method using genetic algorithm. A genetic algorithm is a method to search optimum solution by avoiding to fall down into local minima. The computer experiments show that the presented method is improved by 17% in comparison with the spiral algorithm of conventional method.

### 1 まえがき

一般の集積回路はウェーハ上に多数のチップを作製し, それらを切り離し, 他のチップと接続して用いられる。それに対してウェーハ集積回路はウェーハ上に作製したチップを切り離さずにウェーハ上で複数のチップを相互接続して作製することにより, 大規模で高性能な集積回路を得る技術である。

しかし, 実用化における問題点の一つとして有効な再構成技術の開発が挙げられる。これは集積回路の製造プロセス中に生じる欠陥チップを回避しながら, 良品チップのみを接続する技術である。

そこで本論文では, 大域的探索に優れた遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) を用いた再構成手法を提案し, 計算機実験により有効性を示す。

### 2 ウェーハ集積回路

ウェーハ集積回路は一枚のウェーハ上に多数の IC チップを接続する構造であるため, 通常集積回路よりもはるかに大規模な回路を集積することが可能である。そして, 回路間相互配線の短縮や入出力バッファの削減による信号遅延時間の短縮により, 従来の方法により作製したシステムに比べて高速化が可能である。また, パッケージやボード配線, コネクタなどを必要としないため, 組立て工程の削減, 高信頼化及び低コスト化が可能となる。そして実装密度の向上とパッケージの削減による軽量化が可能となる。また, 配線負荷が減るため消費電力の低いトランジスタを使えるため低消費電力化が可能となる。

ウェーハ集積回路を実現するためには, (1) 冗長性のある構成でシステムをウェーハ上に作製し, (2) 製造プロセスの最終段階で欠陥箇所を同定し, (3)

適当な方法で欠陥箇所を回避するように接続関係を再構成して所望の機能を実現する。ウェーハ集積回路のアーキテクチャは、この再構成を可能にするものでなければならない。

### 3 遺伝的アルゴリズム

遺伝的アルゴリズムとは、生物の進化の過程に着想を得たアルゴリズムであり、確率的探索・学習・最適化の一手法である。遺伝的アルゴリズムは、遺伝子をもった仮想的な生物の集団を計算機内に設定し、あらかじめ定めた環境に適応している個体が、子孫を残す確率が高くなるよう世代交代シミュレーションを実行し、遺伝子及び生物集団を“進化”させることにより所望の解を得るアルゴリズムである。

遺伝的アルゴリズムのフローチャートを図1に示す。遺伝的アルゴリズムは、基本的に Generate-and-Test 型のアルゴリズムで、主に選択、交叉及び突然変異という3種類の遺伝的操作からなる。

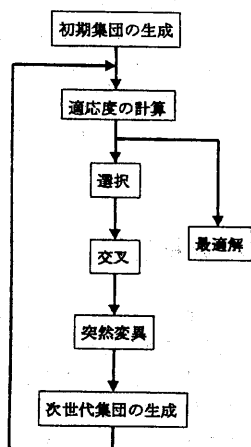


図1: 遺伝的アルゴリズムのフローチャート

**コード化** 遺伝的操作を行う前に、解の候補となる個体の染色体を決定する。すなわち、世代交代の際に親の個体から子孫の個体に、どのような内容のデータをどのような形式で伝えるかを決定する。

**初期集団の生成** 遺伝的アルゴリズムでは、探索空間中に複数の探索点、言い換えれば複数の個体を設定してそれらの協調あるいは競合を用いる。探索開始時においては、探索空間は一般にブラックボックスであり、どのような個体が望ましいか全く不明である。このため通常、初期集団は乱数を用いてランダムに発生させる。

**適応度の計算** 適応度とは、各個体が環境にどの程度適応しているかを表す値で、各個体の評価値となる。

**選択** 選択においては、交叉に参加させる個体を選ぶ。この際、適応度により選ばれる確率が決定する。すなわち、各個体の次世代における生存の可能性は自分の適応度に比例する。

**交叉** 交叉は、選択された二つの個体の遺伝子を部分的に入れ替える操作である。交叉によって、個体の遺伝子型に様々な種類が生じるので、遺伝子型の進化が生じる。

**突然変異** 突然変異とは、あらかじめ設定しておいた確率に基づき、遺伝子を別の値に変換させる操作である。突然変異によって、交叉だけでは生じない遺伝子をもつ個体が生成されることになり、探索の観点からみれば、現在の探索点から離れた場所に探索点を生成させることになる。

**エリート保存** エリート保存は、優秀な染色体を交叉や突然変異で壊さないように、適応度の高い染色体の一部を保存しておく操作である。

### 4 提案する手法

実際に遺伝的アルゴリズムを用いてシミュレーションを行う前に、まずコード化や交叉手法、適応度の計算方法、突然変異率、エリート保存率などを決定しなければならない。

以下にコード化、選択、交叉手法、適応度の計算方法、突然変異、エリート保存、そして初期集団の工夫について述べる。

#### 4.1 モデル

扱うモデルとしてチップの配列を図2に示す。このモデルの接続方法は隣接する上下左右の4方向に

のみ接続可能で、欠陥チップは避けるものとする。本論文で出発点は任意で良いが、今回は中央の一番上側のチップとする。欠陥配置は乱数で決定する。このモデルの応用例としては、規則的な回路構成を持つメモリや同一回路構成による専用プロセッサが考えられる。

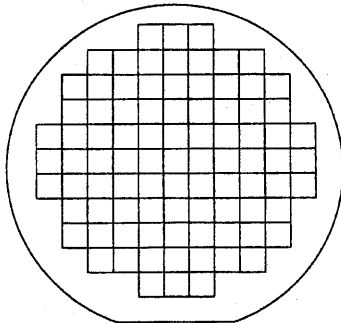


図 2: モデル

## 4.2 コード化

実際にコード化を行うには、次の条件を満たすことが望ましい。

1. 完備性  
問題空間上の解候補は全て染色体として表現できること
2. 健全性  
GA 空間上の染色体は全て問題空間の解候補に対応づけられること
3. 非冗長性  
染色体と解候補は1対1に対応づけられること

本論文では、図3に示すようなコード化を提案する。このコード化は、各チップの上下左右の方向を1~4の数字に対応させる手法である。図3(a)にも示すように、各チップから次に接続を試みるチップが右なら1、上なら2、左なら3、下なら4する。そして欠陥チップは0として欠陥チップとの接続は避けるようにした。

このコード化は交叉や突然変異を行っても、先に挙げた3個のコード化に必要な条件を満たしており、

さまざまな交叉手法や突然変異にも対応できる。

また、本論文における遺伝子型は図3に示すようにコード化を行ったものを、一番上の行の次に2行目を右側にならべ、以下の行も同様に並べた配列を用いた。

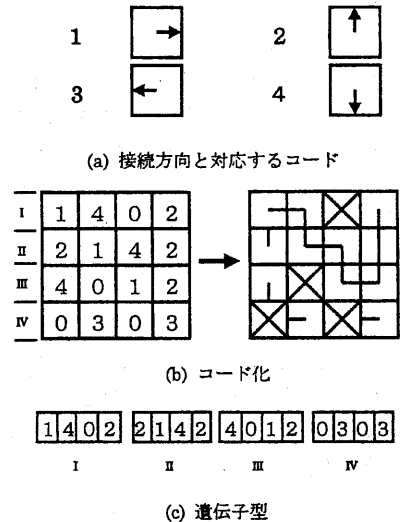


図 3: コード化及び遺伝子型

## 4.3 適応度の計算

本論文においては、コード化により各チップに与えられた数字をもとに、始点のチップからたどり、その結果つながったチップ数を良品チップの数で割った値を、その個体の適応度として評価する。実際の応用では予め定められた個数を接続できれば良く、必要以上に多くのチップを接続すれば良いというわけではない。従って適応度は定められた個数の時に1となるのが普通であるが、本論文ではチップを接続する能力を調べるために全て接続した場合を1とした。

#### 4.4 選択

選択は、親となる染色体を決定するための操作で、本研究ではルーレット戦略を用いている。ルーレット戦略は、適応度の高いものほど選ばれやすい選択で、優秀な染色体の形質を子に残すために有効である。適応度の低いものでも選ばれる確率は0ではないので局所的な解に陥ることも防げる。

#### 4.5 交叉

本論文では、交叉方法として一様交叉を用いている。一様交叉とは0と1を等確率で生成しnビットのマスクパターンを作成する。マスクパターン上で1の遺伝子座には親1の形質を、0の遺伝子座には親2の形質を持つ子1と、その逆の形質を持つ子2を生成する。

#### 4.6 突然変異

突然変異は、遺伝子を一定の確率で変化させるもので、コード化を行った各方向に対応した1~4の数字を変異させる。しかし、欠陥チップに対応する0は当然変異させない。

#### 4.7 初期集団の工夫

ランダムに生成される初期集団に欠陥率0%時の接続結果(例:図4)を混入させて適応度の改善を試みる。混入させる接続結果は、適応度が高いものを10種類用意しランダムに選ばれるようにする。

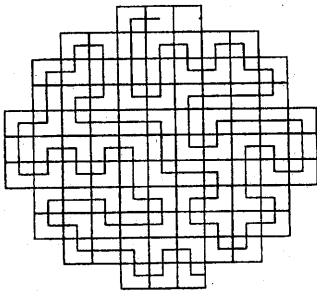


図4: 欠陥率0%時の接続結果例

### 5 計算機実験

#### 5.1 実行結果例

作成したプログラムを実行した結果、欠陥率20%, 25%, 30%において最良値0.73前後の評価値が得られた。接続結果と世代毎の評価値のグラフの例を図5と図6に示す。

良品チップでも、欠陥チップに囲まれたりして利用できないものもある。このようなチップの存在により、評価値が1になることは殆どなく、評価値の上限は0.9程度になる。

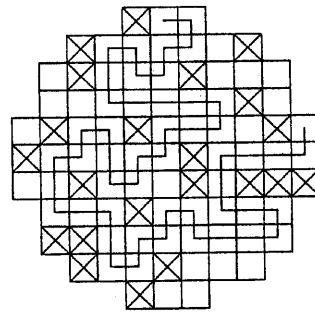


図5: 接続結果例

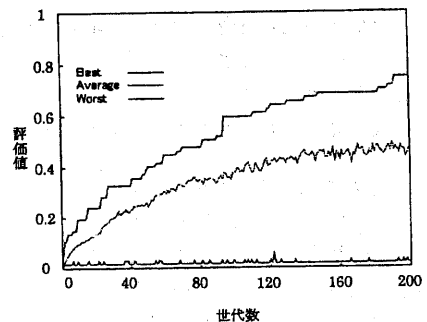


図6: 世代数と評価値の関係

## 5.2 パラメータの最適化

まず、初期集団の工夫として欠陥率 0 %時の接続結果を混入させることが、実際に評価値を改善するのを確認した。欠陥率や欠陥分布にもよるが、表 1 と表 2 に示すように、混入しないものと比較して最良値で 5 %～ 8 %良い結果が出たので取り入れることにした。

表 1: 初期値改善が無い場合の評価値

欠陥率	平均値	最良値	最悪値
20%	0.62	0.72	0.48
25%	0.54	0.64	0.37
30%	0.58	0.66	0.42

表 2: 初期値改善が有る場合の評価値

欠陥率	平均値	最良値	最悪値
20%	0.62	0.78	0.48
25%	0.55	0.69	0.43
30%	0.66	0.74	0.42

次に、突然変異率、エリート保存率、初期集団に混入する欠陥率 0% の最良接続結果の個数の各パラメータの最適化を行った。パラメータの最適化は、より良い評価値を得るためには必要な操作である。例えば、局所解に陥るのを防ぐ突然変異率と、逆の効果もあるエリート保存のバランスをとることが必要である。また、初期集団に混入する欠陥率 0% の最良接続結果の個数が多すぎるとは、混入する最良接続結果の遺伝子に依存することになり初期集団を生成する意味が無くなるし、少なすぎると効果が得られない。従って、その値の調整が必要となる。各パラメータが評価値に及ぼす影響を表 3～表 5 に示す。ここで、各パラメータの平均値、最良値ともに 16 回ずつシミュレーションした結果によって算出した。これらの結果から、以下のシミュレーションでは突然変異率を 3%、エリート保存率を 25%、初期集団に混入する欠陥率 0% の最良接続結果の個数を 20

個とする。その他のパラメータは、世代数 200、個体数 150 である。

表 3: 突然変異率が評価値に及ぼす影響

突然変異率	平均値	最良値
2%	0.56	0.69
3%	0.62	0.73
4%	0.59	0.74
5%	0.54	0.73

表 4: エリート保存率が評価値に及ぼす影響

エリート保存率	平均値	最良値
10%	0.59	0.73
15%	0.57	0.71
20%	0.57	0.71
25%	0.64	0.74

表 5: 初期集団に混入する欠陥率 0% の最良接続結果の個数が評価値に及ぼす影響

混入する個数	平均値	最良値
10 個	0.53	0.71
15 個	0.53	0.71
20 個	0.66	0.74
25 個	0.58	0.71

## 5.3 従来手法との比較

遺伝的アルゴリズムと従来手法の一つであるスパイラル状結線アルゴリズム<sup>1</sup>との比較を行った。最良値を比較した結果を表 6 に、最悪値を比較した結果を表 7 に示す。

この結果から、平均 17% (チップ数にして 7 個) 遺伝的アルゴリズムを用いた方が良い評価値が得られた。スパイラル状結線アルゴリズムは欠陥分布に依存する割合が高く最良値と最悪値の差が大きかつ

<sup>1</sup>チップ間の配線一次元アレイを渦巻状に形成するアルゴリズム。

表 6: GA と Spiral 法 の最良値の比較

欠陥率	GA	Spiral 法
20%	0.72	0.63
25%	0.75	0.61
30%	0.73	0.62

表 7: GA と Spiral 法 の最悪値の比較

欠陥率	GA	Spiral 法
20%	0.56	0.52
25%	0.43	0.25
30%	0.42	0.09

た。その点で遺伝的アルゴリズムの方が、欠陥分布に依存する割合が低く柔軟であるため良い結果が得られたものと思われる。

## 6 結論

ウェーハ集積回路において、遺伝的アルゴリズムを用いて再構成する手法を提案し、計算機実験を行った。従来手法のスパイラル状結線アルゴリズムと比較して、遺伝的アルゴリズムの方が平均 17% 良い評価値を得ることができ、有効であることが確認できた。また、今回試みた初期値の工夫も各欠陥率での評価値の比較から、平均 6% の改善効果が確認できた。

今後の課題としては、より良い評価値が得られるようにプログラムを改善していくこと (例えば、評価値が低くても少し修正するだけで良い評価値が得られそうな個体は、評価値に何らかの要素を追加して評価する)、パラメータをよりの確に設定することが挙げられる。

## 参考文献

- [1] 北野 宏明 : “遺伝的アルゴリズム”, 産業図書 (1993)
- [2] 北野 宏明 : “遺伝的アルゴリズム 2”, 産業図書 (1995)

- [3] 米澤 保雄 : “遺伝的アルゴリズム ~進化理論の情報学”, 森北出版 (1993)
- [4] 山下, 金杉, 土屋, 後藤 : “ウェーハスケール LSI の可能性と限界”, 日経エレクトロニクス, Vol. 6-1, No.422, pp141-161 (1987)
- [5] R.E.Massara : “Design & test techniques for VLSI & WSI circuits”, IEE COMPUTING SERIES 15 (1989)
- [6] 電子情報通信学会ウェーハスケール集積システム時限研究専門委員会編 : “ウェーハスケール集積システム研究会発表論文集”, 電子情報通信学会 (1993)