

修士論文

実数値型 GA を用いた
BSIM パラメータ抽出のための
世代交代モデルと遺伝的演算に関する研究

平成 22 年度修了
三重大学大学院工学研究科
博士前期課程 電気電子工学専攻

西場 愛

目次

第1章	はじめに	1
1.1	研究の背景	1
1.2	本研究の目的および概要	2
第2章	BSIM パラメータ抽出	3
2.1	BSIM とパラメータ抽出	3
2.2	遺伝的アルゴリズムを用いた BSIM パラメータ抽出（従来法）	4
2.2.1	コーディング	4
2.2.2	染色体（パラメータセット）の評価	6
2.2.3	遺伝的演算	6
2.2.4	従来法における問題点	8
第3章	BSIM パラメータ抽出のための世代交代モデルに関する検討	10
3.1	主な世代交代モデルの種類	10
3.2	ベンチマーク関数を用いた母集団サイズの決定	11
3.3	BSIM パラメータ抽出における世代交代モデルの比較	14
第4章	制約付き最適化問題における集団分布を考慮した遺伝的演算	21
4.1	制約条件が進化に与える傾向に関する予備実験	21
4.1.1	生成された子染色体を補正する方法	21
4.1.2	推奨範囲を越えない子染色体の生成	24
4.2	実行不能解の生成を回避する遺伝的演算	26
4.2.1	提案法の概要	26
4.2.2	実験結果および考察	26
4.3	母集団の収束を考慮した提案法の改良	29
第5章	終わりに	31
	参考文献	32

目次	ii
謝辞	34
発表論文リスト	35

図一覧

2.1	染色体の構造	4
2.2	誤差率を用いた染色体の評価	7
2.3	シンプレクス交叉の概要 (2次元の場合)	8
3.1	各世代交代モデルの概略図	12
3.2	Rosenbrock 関数の解空間 (2変数の場合)	13
3.3	各世代における評価値分散の推移 ($P = n \times 5, C = P \times 75\%$)	16
3.4	各世代における評価値分散の推移	17
3.5	MOS-FET の静特性	18
3.6	各世代における評価値の推移	20
3.7	各世代における評価値分散の推移	20
4.1	実行不能解の修正方法	22
4.2	評価値の推移 (アプローチ A)	23
4.3	SPX-n-m- ϵ の概要	25
4.4	評価値の推移 (アプローチ B)	25
4.5	最良評価値の推移 (提案法と方法 A)	28
4.6	母集団の重心と各染色体との平均距離の推移	28
4.7	提案法を適用した場合の最良評価値と母集団分布の推移の例	29
4.8	最良評価値の推移 (方法 A, 提案法, 改良提案法)	30

表一覧

2.1	BSIM パラメータの例	5
3.1	主な GA パラメータ	14
3.2	10,000 世代における最良染色体の評価値	15
3.3	染色体集団サイズ	19
4.1	主な GA パラメータ	22
4.2	10 回試行中の成功回数と平均終了評価回数	29
4.3	10 回試行中の成功回数と平均終了評価回数	30

第1章

はじめに

1.1 研究の背景

Berkeley Short-channel IGFET Model(BSIM)[1] は, SPICE をはじめとする回路シミュレータにおいて最も使用されている MOS-FET モデルの一つである. また近年では, デバイスの高集積化・微細化に加えて高精度なモデル要求に伴い, その構造はより複雑化しつつある [2]. 一般的に, 回路シミュレータにおいて BSIM を使用するには, 所望の特性をシミュレータ上で実現するためにモデル中のパラメータを巧みに調整する必要がある. しかしながら, モデルパラメータ数の多さゆえ, これらパラメータの調整 (パラメータ抽出) は容易ではない. そのため, パラメータの抽出は熟練した技術者により手作業で行われているのが現状である. 手作業によるパラメータ抽出には, 豊富な経験と勘を要するばかりでなく多大な時間も必要とするため, 作業への精神的・肉体的負担も大きい. そのため現在, BSIM パラメータを自動で抽出する技術の開発が熱望されている.

これらの問題を解決するため, 近年, 遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) を用いた BSIM パラメータの自動抽出法に関する研究が報告されている [3, 4, 5]. 例えば文献 [4] では, 抽出対象となる BSIM パラメータの値をそのまま遺伝子座とし, シンプレクス交叉 (Simplex Crossover: SPX) を用いた GA によりパラメータを抽出している. 一般的に, GA を用いたパラメータ抽出は非線形最小二乗法を用いたものと比較して局所解に陥る可能性は少ないものの, 繰り返し計算により解を探索するため, 膨大な時間が必要となる. そのため現在では「島モデル」を取り入れた並列 GA を用いることにより, 抽出時間の短縮が図られている [5]. 一般的に, 島モデル GA では染色体集団を複数のグループ (島) に分けて染色体を進化させるため並列化が容易である. このような特徴から, 抽出速度を重視する設計現場では, この方法が用いられることが多い. しかしながら, 島モデル GA を用いたパラメータの抽出速度は CPU のコア数等に大きく依存するため, 根本的な解決とは言い難い.

一方, BSIM のパラメータには製造するデバイスの制約があるため, 通常, 配布元やベン

ダーによって各パラメータに対する推奨範囲が定められている。また、従来法で用いられている SPX は、親染色体により形成されるシンプレクス平面に対して拡張率 ($\varepsilon = \sqrt{m+2}$ (m は次元数)) を乗じた空間内に子染色体を生成する。そのため、次元数、すなわち抽出対象となるパラメータ数が増加すると、推奨範囲外に染色体が生成される可能性が増す。言い換えれば、制約条件付きの多次元探索問題において SPX を用いた場合、次元数が増加するにつれて実行不能解が生成される可能性が高くなることを意味している。このような実行不能解の生成は、染色体の進化効率を低下させてしまう恐れがある。特に、パラメータ抽出問題においては、推奨範囲から外れた値を用いて回路シミュレーションを行うことはできないため、それらの値は必ず推奨範囲内に収めなければならない。

このような背景事情から、GA を用いた BSIM パラメータ抽出問題においては、染色体を効率的に進化させることが望まれている。そのためには、GA における遺伝的演算や世代交代モデルについて議論する必要がある。しかしながら、これらについては十分な議論がなされていないのが現状である。

1.2 本研究の目的および概要

そこで本論文では、GA を用いた BSIM パラメータ抽出法において、今まで検討されていなかった世代交代モデルと制約条件を考慮した遺伝的演算について検討する。

本論文ではまず、効率的な進化という観点から、世代交代モデルに関する比較・検討を行う。ここでは、従来法として用いられている世代交代モデルと代表的な2種類のモデル (MGG, G3) を実際のパラメータ抽出問題に適用し、世代交代モデルと進化効率の関係について議論する。

また本論文では、推奨範囲 (制約条件) が定められた多数のモデルパラメータを抽出する場合において、実行不能解の生成を回避するための遺伝的演算についても検討する。ここでは、制約付き最適化問題において用いられる遺伝的演算が、染色体の進化に及ぼす影響について考察するとともに、得られた結果に基づいた新しい遺伝的演算を提案する。実際の半導体生成に使用されている測定データを用いてパラメータ抽出実験を行い、提案法が染色体の進化に与える影響や抽出時の計算コスト、提案法の有効性について議論する。

第2章

BSIM パラメータ抽出

2.1 BSIM とパラメータ抽出

Berkeley Short-channel IGFET Model (BSIM) とは、現在、Simulation Program with Integrated Circuit Emphasis (SPICE) 等の回路シミュレータにおいて使用されている MOS-FET モデルの一つである。BSIM は多くのパラメータを持つ数式群により構成されており、実際の LSI 設計に用いる場合には、各パラメータを所望の特性に合致するように調整しなければならない。一般的に、この作業は「パラメータ抽出」と呼ばれ、LSI 設計のプロセスにおいて最も重要な作業の一つである。

通常、モデル中の各パラメータの値を決定するにはまず、特性計測用の MOS-FET (TEG と呼ばれる) を試作し、その静特性を測定する。そして、得られた測定結果とシミュレーションにより得られる特性値がなるべく近くなるように、モデル中の各パラメータを変更する。この作業を何度も繰り返し行うことにより、実際のデバイスと同様の振る舞いをシミュレーション環境上で実現することができる。しかしながら、これらパラメータの値を調整することは極めて難しく、現在は、その多くを熟練の技術者による手作業に頼らざるを得ない。これら手作業によるパラメータ抽出作業は、少なくとも一週間程度の時間を要するとともに、作業への肉体的・精神的負担も大きい。

一方、近年の LSI の大規模化・微細化に伴い、デバイスサイズが大きい場合には無視することができた物理現象も考慮した新たな MOS-FET モデルが開発されつつある。表 2.1 に本研究で用いる BSIM パラメータの一例を示す。例えば、BSIM Version 4.6.3 の場合、表に示すようなパラメータ数は約 400、使用されている数式の数約 120 と非常に多い。また BSIM では、各パラメータに推奨範囲が定められており、その範囲内においてパラメータ抽出を行わなければならないとされている。このように、LSI の大規模化・微細化に伴ってデバイスモデルも複雑化の一途を辿っているのが現状である。そのため、所望の特性が得られるようにパラメータを手作業で調整することは非常に困難であり、設計・製造プロセスの効率化の観点からも、パラメータ抽出作業の自動化技術の構築は必

要不可欠である。

このような背景事情に対し，これまで LSI の設計現場では，Levenberg Marquardt 法（LM 法）等の非線形最小二乗法を用いたアプローチが取られてきた．しかしながら，LM 法を用いたアプローチは，初期値依存性や多峰性が強く探索次元数が多い場合における探索性能の低下といった問題も指摘されており，解決すべき課題点も多い [4]．また一部の設計現場では，パラメータセットを複数のグループに分割し，段階的に抽出する，初期値を手作業で決定するといった工夫もなされている．しかしながら，BSIM パラメータ抽出問題は多峰性の強い解空間を持つ問題であることが知られており，上述のような工夫のみでは抜本的な解決は難しい．一方，近年では上述のような問題を解決すべく，GA を用いた BSIM パラメータ抽出法に関する研究が報告されている [3, 4]．これらの方法は，初期値に依存しにくく実用可能な誤差でパラメータが抽出可能であるため，LM 法を用いたアプローチと比べて有用性が高い．この方法については，次節にてその詳細を述べる．

2.2 遺伝的アルゴリズムを用いた BSIM パラメータ抽出（従来法）

ここでは，従来用いられてきた GA による抽出法 [4] について述べる．

2.2.1 コーディング

図 2.1 に染色体の構造を示す．染色体は，抽出対象となるパラメータを要素とした一次元配列で表現されている．このように従来法においては，各パラメータをバイナリコーディングせず，実数値のまま取り扱う実数値遺伝的アルゴリズム（Real-Coded Genetic Algorithm:RCGA）が用いられている．RCGA 用いることにより，各パラメータを連続的に扱えるとともに，親の形質を効率よく受け継ぐことが可能となる．

また，本論文で扱う BSIM4 は多数のパラメータで構成されているため，それらの組み合わせ数（探索空間）は膨大となる．そのため従来法では，経験的に値が既知であるものや値を変化させると特性が大きく変化してしまうパラメータについては，手動でパラメータ値を決定して探索対象から除外する等，探索時間（抽出時間）の短縮化に関する工夫を施している．

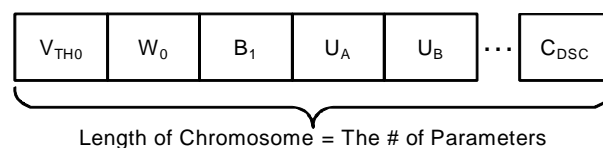


図 2.1: 染色体の構造

表 2.1: BSIM パラメータの例

パラメータ名 (内容)	デフォルト値	推奨範囲	単位
V_{TH0} (長チャネルしきい値)	0.7 (nMOS) −0.7 (pMOS)	[−2, 2]	V
W_0 (狭チャネルパラメータ)	2.5×10^{-6}	$[10^{-6}, 10^{-5}]$	m
B_1 (基板電荷効果のチャネル幅オフセット)	0.0	$[0, 10^{-7}]$	m
U_A (移動度劣化の一次係数)	2.25×10^{-9}	$[10^{-10}, 10^{-8}]$	m/V
U_B (移動度劣化の二次係数)	5.87×10^{-19}	$[10^{-21}, 10^{-18}]$	(m/V) ²
⋮	⋮	⋮	⋮
C_{DSC} (チャネルへのドレイン/ソース カップリングキャパシタンス)	2.4×10^{-4}	$[0, 10^{-3}]$	F/m ²

2.2.2 染色体（パラメータセット）の評価

図 2.2 に静特性データを用いた染色体の評価方法の概要を示す．パラメータセットの評価ではまず，あらかじめ対象となる TEG を試作し，その静特性データを測定しておく．測定される静特性のデータは，ゲート電圧（ V_{gs} ），ドレイン電圧（ V_{ds} ）とドレイン電流（ I_d ）の関係を表す $I_d - V_{gs}$ 特性， $I_d - V_{ds}$ 特性の 2 種類である．パラメータ抽出では，通常，チャンネル幅，チャンネル長の異なるデバイス約 10 種類の静特性データが用いられる．これら実測値による特性と各染色体により得られるシミュレーション結果を使用して，式 (2.1) に示すように実測値に対する誤差の割合 F_{er} を求める．

$$F_{er} = \sum_k^N \frac{|i_{sim}(k) - i_{real}(k)|}{i_{real}(k)} \quad (2.1)$$

k : 静特性中の測定点

$i_{real}(k)$: $V_{gs} = k$ （もしくは $V_{ds} = k$ ）における I_d の実測値

$i_{sim}(k)$: $V_{gs} = k$ （もしくは $V_{ds} = k$ ）における I_d のシミュレーション値

上式を用いた評価方法では，シミュレーション値と実測値の差が小さい場合，染色体の評価値も小さくなる．すなわち，実測により得られた特性とシミュレーションにより得られた特性が等しくなった場合，評価値は 0 となる．よって本問題は，測定データになるべく近い特性を得たいという要求から，(2.1) 式を最小化する問題と捉えることができる．また，評価には複数のデバイスを使用するため，各デバイスの $I_d - V_{gs}$ 特性， $I_d - V_{ds}$ 特性から得られた F_{er} の値を平均することにより最終的な評価値を得る．

2.2.3 遺伝的演算

従来法では，交叉にシンプレクス交叉（Simplex Crossover: SPX）[6] が用いられる．シンプレクス交叉は，実数値 GA に用いられる交叉方法の 1 つであり，変数間の依存関係やスケールに依存しない探索を行うことができるという特徴を持つ．図 2.3 にシンプレクス交叉の概要を示す．シンプレクス交叉では，まず $n + 1$ 個の親個体を選択する（ $\vec{P}_0, \vec{P}_1, \dots, \vec{P}_n$ ）．そして，それら親個体から重心（ \vec{G} ）を求める．さらに，次の式に従って， \vec{x}_k と \vec{C}_k （ $k = 0, 1, 2, \dots, n$ ）を求める．

$$\vec{x}_k = \vec{G} + \varepsilon(\vec{P}_k - \vec{G}) \quad (k = 0, 1, 2, \dots, n) \quad (2.2)$$

$$\vec{C}_k = \begin{cases} \vec{0} & (k = 0) \\ r_{k-1}(\vec{x}_{k-1} - \vec{x}_k + \vec{C}_{k-1}) & (k = 1, 2, \dots, n) \end{cases} \quad (2.3)$$

ここで， \vec{r}_k は，

$$\vec{r}_k = (u(0, 1))^{\frac{1}{k+1}} \quad (2.4)$$

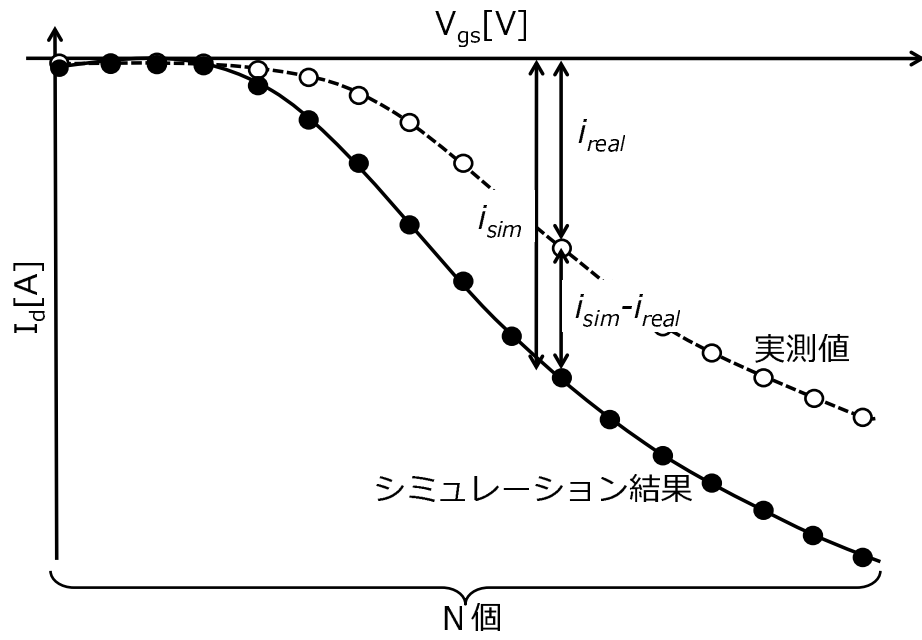
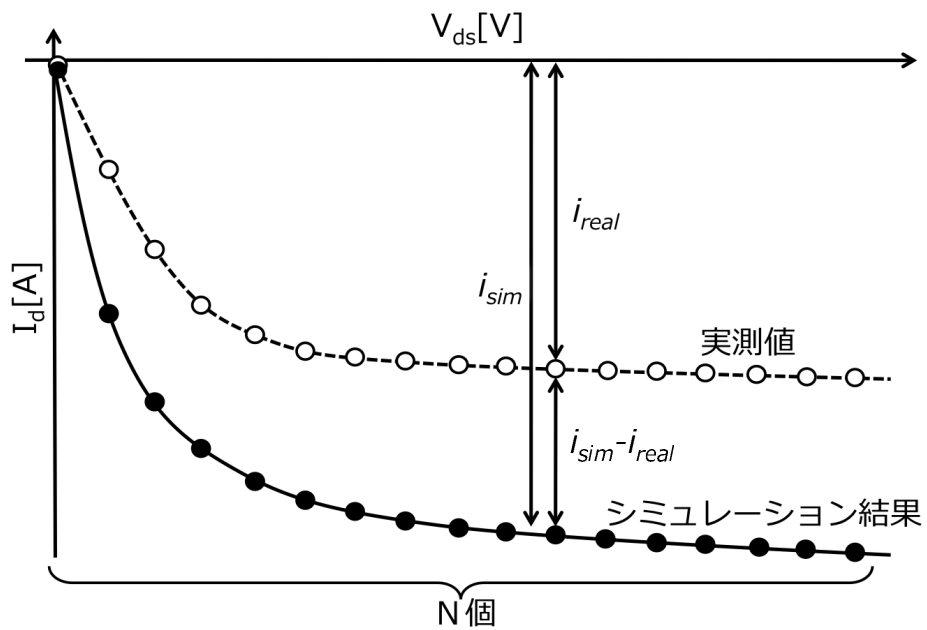
(a) $I_d - V_g$ 特性の場合(b) $I_d - V_d$ 特性の場合

図 2.2: 誤差率を用いた染色体の評価

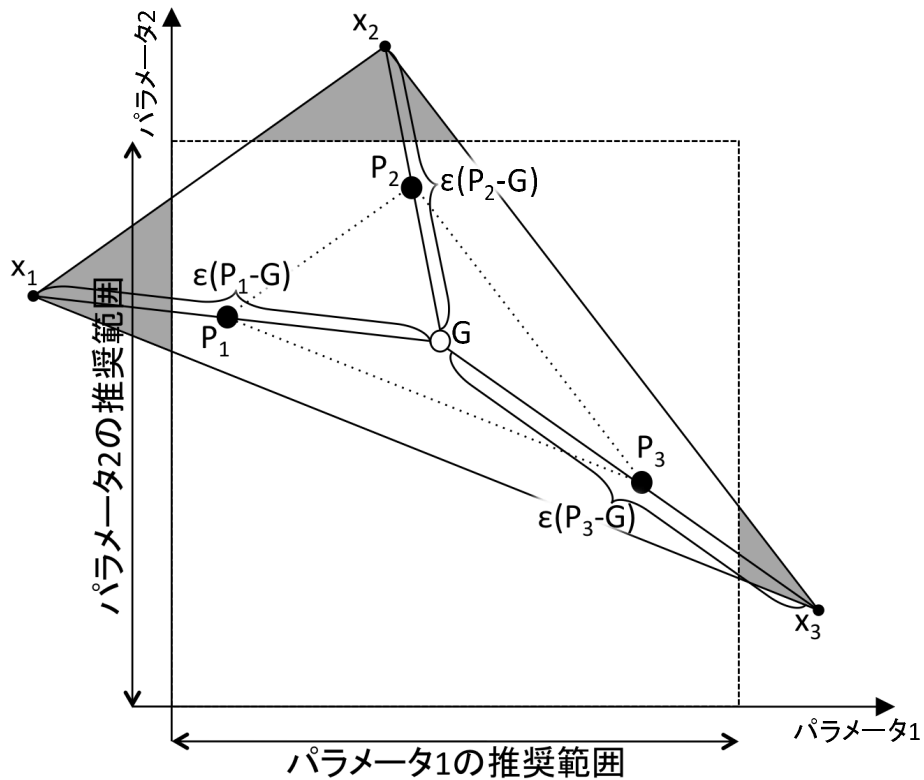


図 2.3: シンプレクス交叉の概要 (2次元の場合)

の式で得られる乱数とする．なお，式中の $u(0,1)$ は一様乱数である．また，式 (2.2) 中の ε は，拡張率と呼ばれ，正数で与える定数である．文献 [6] における拡張率 ε の推奨値は，染色体の次元数を m とした場合， $\varepsilon = \sqrt{m+2}$ により与えられる．最終的に得られる子個体は，次式によって与えられる．

$$\vec{C} = \vec{x}_n + \vec{C}_n. \quad (2.5)$$

2.2.4 従来法における問題点

先にも述べた通り，GA を用いることにより，従来法と比較して，高速かつ実用に十分な精度でパラメータを抽出することが可能である．しかしながら，LSI 設計には様々な MOS-FET モデルが必要となるため，パラメータ抽出のさらなる効率化が求められる．ここでは，パラメータ抽出の効率化を妨げる問題点について指摘する．

まず，世代交代モデルに関する検討が行われていないことが挙げられる．一般的に，GA において染色体を効率的に進化させるためには，親個体の持つ形質をいかに子個体に伝

搬させるが重要となる．言い換えれば，染色体の進化は「どのような子個体を次の世代に残すのか」という世代交代モデルに大きく影響される．したがって，本問題に適する世代交代モデルを用いることにより，初期収束や反復計算による計算負荷などの改善につながると考えられる．

また，遺伝的演算に用いられている SPX についても検討する必要がある．BSIM のパラメータには製造するデバイスの制約があるため，配布元やベンダーによって各パラメータに対する推奨範囲が定められている（図 2.3 の四角形の領域）．しかしながら，SPX は，シンプレクス平面をパラメータ数に依存する拡張率 ε によって拡張する．そのため，抽出するパラメータ数が多い場合， ε の値も大きくなる．したがって， ε によって拡張された平面がパラメータの推奨範囲内に収まらないことがある．推奨範囲から外れた部分（図 2.3 の網掛け部分）に生成された染色体については，シミュレーションを実行することができない（実行不能解の生成）．また，SPX で用いられる拡張率 ε は，解空間内における集団の分布を保つように文献 [6] によって ε の推奨値が $\sqrt{m+2}$ （ m は次元数）と定義されている．そのため，パラメータ数が増加するほど実行不能解が生成される確率が高くなることとなる．

第3章

BSIM パラメータ抽出のための世代交代モデルに関する検討

世代交代モデルとは、複製選択（母集団からどの染色体を親染色体として選択するか）と生存選択（遺伝的演算により生成されたどの子染色体を次の世代に残すのか）から構成される。これまでに様々な選択法が提案されているが、これら選択をいかに用いるかによって解の収束性や多様性の傾向が決まる。例えば、集団中から積極的に良い解を選択すれば（選択圧が強いという）、染色体集団内の多様性が失われる。また、集団中から広く解を選択すれば（選択圧が弱いという）、集団内から悪個体が積極的に淘汰されない。したがって、問題に適する世代交代モデルを用いることは重要である。

3.1 主な世代交代モデルの種類

本節では、これまでに提案されている代表的な世代交代モデルの一例を紹介し、その基本的性質について述べる。本論文では、従来法において用いられている世代交代モデル [7]（以下、ES モデル）と Minimal Generation Gap (MGG) [8], Generalized Generation Gap (G3) [9] の3種類について比較・検討を行った。以下に、本論文で比較・検討する3種類の世代交代モデルとその概要を示す。

- 従来法の世代交代モデル (Evolvalbe System(ES) 法)
 - 複製選択 母集団の中からランダムに μ 個を非復元抽出する。
 - 生存選択 子集団と選択された親集団の中から良い順に μ 個を親と入れ替える。

- Minimal Generation Gap(MGG)
 - 複製選択 母集団の中からランダムに μ 個を非復元抽出する．
 - 生存選択 選択された親集団から 2 個体をランダムに非復元抽出し，選ばれた 2 個体と子集団を家族とする．
これら家族のうち，最良個体とルーレット選択により選ばれた 1 個体を，選択した親 2 個体と入れ替える．
- Generalized Generation Gap(G3)
 - 複製選択 最良個体と母集団の中からランダムに $\mu - 1$ 個を非復元抽出しした個体を親集団とする．
 - 生存選択 選択された親集団から 2 個体をランダムに非復元抽出し，選ばれた 2 個体と子集団を家族とする．
これら家族のうち最良 2 個体を，選択した親 2 個体と入れ替える．

図 3.1 に各世代交代モデルの概略図を示す．複製選択では，G3 モデルは最良個体を必ず選ぶため，全ての個体をランダムに選ぶ他のモデルと比べて選択圧が強い．また生存選択では，ルーレット選択を用いる MGG の選択圧が弱い．また，MGG，G3 は一世代につき 2 個体のみを母集団へ戻すため，ES よりも個体集団がゆっくりと収束していくと予想される．

3.2 ベンチマーク関数を用いた母集団サイズの決定

各世代交代モデルの性能について検討するため，ベンチマーク関数を用いた事前実験を行った．本研究において対象としている BSIM パラメータ抽出問題は，変数間の依存性が強い解空間であると予想される．そのため，ここでは，変数に強い依存関係がある Rosenbrock 関数（(3.1) 式）をベンチマーク関数として用いることとした．図 3.2 に 2 変数の場合における Rosenbrock 関数の解空間を示す．Rosenbrock 関数は，変数間に極めて強い依存関係をもつ単峰性関数であるとともに，GA では部分解を形成することができないため，非常に解きにくい問題である [10]．

$$f = \sum_{i=2}^n (100(x_1 - x_i^2)^2 + (x_i - 1)^2) \quad (3.1)$$

$$(-2.048 < x_i < 2.048)$$

なお，本実験では， n の値は抽出対象となる BSIM のパラメータ数として，(3.1) 式を最小化する問題とした．また，染色体の進化に適切な集団サイズを決定するため，母集団サイズ P を $n \times 5$ ， $n \times 15$ ， $n \times 30$ ，子集団サイズ C を母集団サイズの 20%，50%，75%と

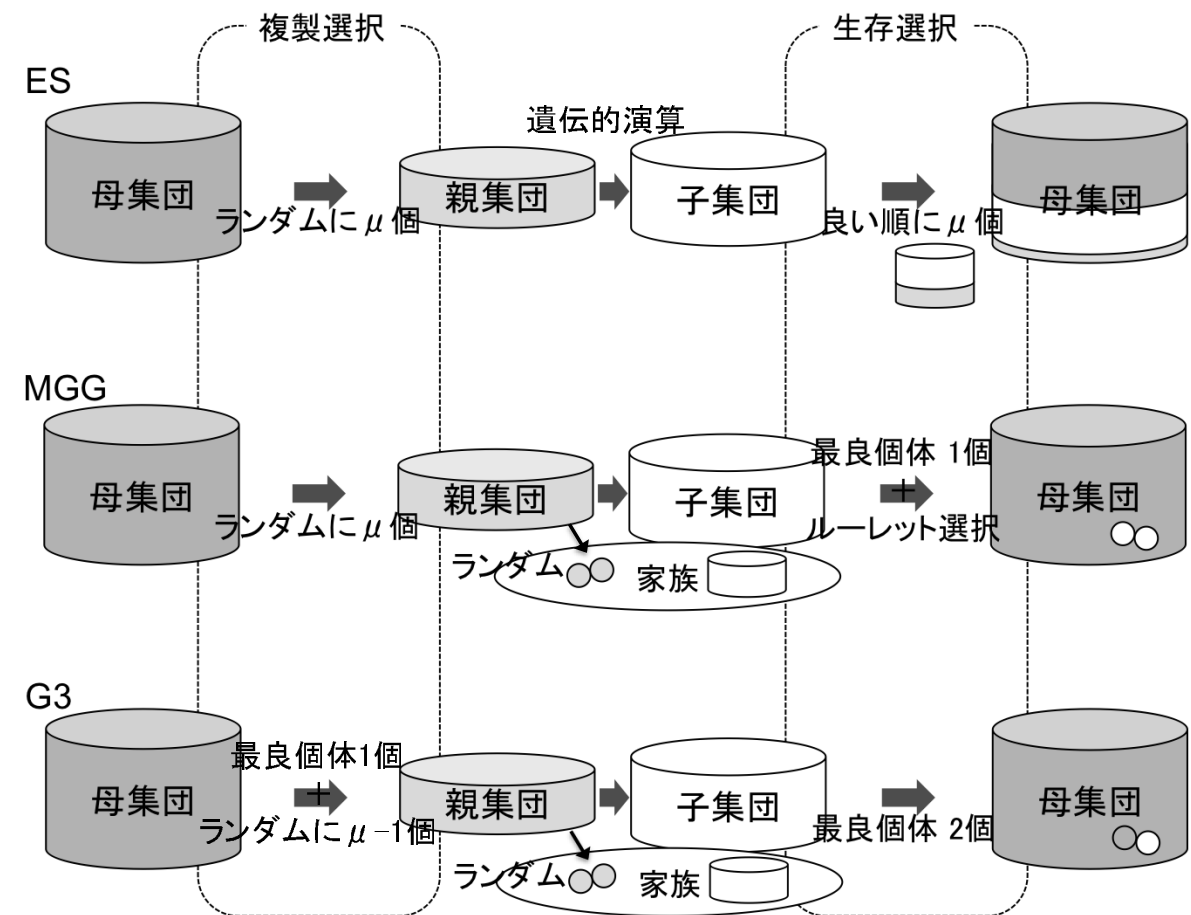


図 3.1: 各世代交代モデルの概略図

し，それぞれの場合について実験を行った．また， P の値は従来法（文献 [4]）における推奨値（ $P = n \times 15$ ）を基準に， C の値は 0 から 100% の間で経験的に決定した．なお，終了世代数を 10,000 世代とし，その他の GA パラメータについては表 3.1 に示すものを用いた．

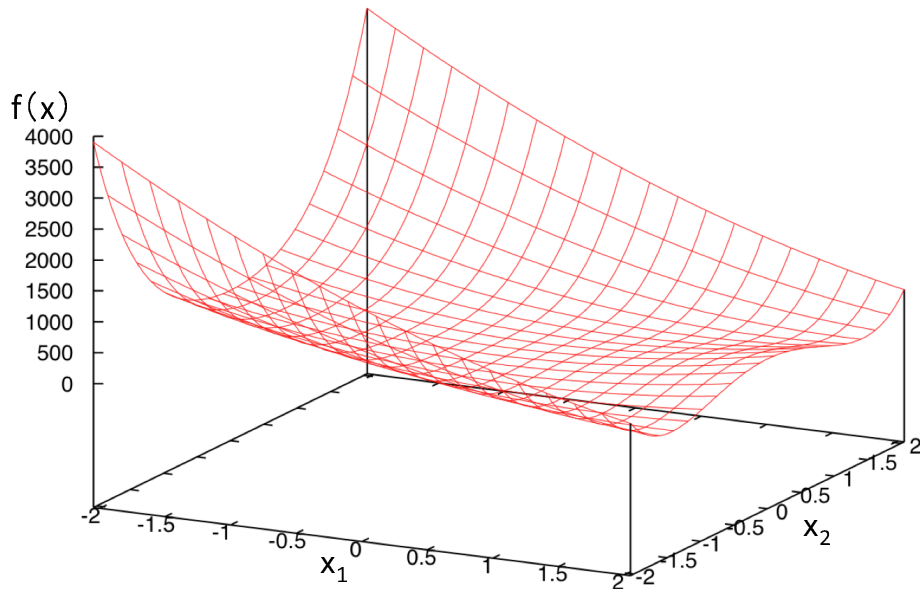


図 3.2: Rosenbrock 関数の解空間 (2 変数の場合)

表 3.2 に，各モデルにおいて母集団サイズと子集団サイズを変化させた場合における 10,000 世代での評価値を示す．表中の値は，10 回試行の平均値である．実験の結果，G3 モデル（ $P = n \times 5, C = P \times 75\%$ ）を用いた場合，最終世代において得られた評価値が最小となった．

図 3.3 に $P = n \times 5, C = P \times 75\%$ の場合における評価値の分散の推移を示す．図からも明らかであるが，従来法である ES モデルは，探索初期において他のモデルよりも分散値が急速に減少している．これは，染色体の多様性が著しく失われていることを意味している．特に GA の場合，染色体は探索初期において解空間を大域的に探索することにより，最適解の大まかな場所を探索している．そのため，染色体の多様性が失われることは，効率的な進化を阻害する一因になると考えられる．また MGG モデルの場合においては，探索初期から探索終盤まで常に大きな分散値を保っているものの，最終世代における評価値は G3 のそれと比較して劣っている．MGG は染色体の世代間の差を最小にするような世代交代モデルであるため，他の世代交代モデルと比較して，悪個体が淘汰されずに集団中に残る可能性は高い．また，MGG は複製選択において母集団からランダムに μ 個を非復元抽出するため，これら悪個体が親集団として選ばれる可能性も高い．

表 3.1: 主な GA パラメータ

パラメータ名	値
試行回数	10
設計変数	37
交叉方法	SPX 交叉
突然変異	なし
親集団サイズ	$38(n + 1)$

すなわち，MGG は他の世代交代モデルと比べて選択圧が低いため，悪個体の遺伝子が集団中に長期にわたって残ることを意味している．そのため，集団中の多様性は高いものの，染色体の進化が遅くなってしまったと考えられる．一方，G3 モデルの場合においては，評価値の分散が探索初期から終盤に向かうにつれて滑らかに減少している．これは，探索初期において染色体の多様性を保ちながら大局的な探索を行うとともに，探索終盤においては局所的な探索が行えていることを意味している．そのため，他の世代交代モデルを用いた場合と比較して，良好な結果が得られたものと考えられる．

また本論文では，親集団，ならびに子集団のサイズを変化させた場合における分散の推移についても検討した．図 3.4 に，親集団と子集団のサイズがそれぞれ ($P = n \times 5, C = P \times 20\%$) ($P = n \times 30, C = P \times 75\%$) の場合における評価値の分散の推移を示す．図 3.3 と 3.4(a) を比較すると，母集団サイズの異なる場合ではの評価値分散では，母集団サイズの大きい方 (図 3.4(a)) が全体的に高い値を示している．一方，評価値については，いずれの世代交代モデルも $P = n \times 5$ の場合の方が小さい値となった (表 3.2)．また，子集団サイズの異なる場合においては，評価値分散に大きな差は見られず (図 3.3, 3.4(b))，その評価値の変化もわずかである (表 3.2)．パラメータの違いによって多少の変化は見られたものの，世代推移による傾向はどの場合においても同様な傾向が得られた．

3.3 BSIM パラメータ抽出における世代交代モデルの比較

ここでは，前節にて検討した世代交代モデルを実際の BSIM パラメータ抽出問題に適用し，本問題における世代交代モデルと染色体の進化の関係について考察する．実験に用いるデバイスは問題の簡単化のため，チャンネル長 $L = 10.00\mu\text{m}$ ，チャンネル幅 $W = 2.00\mu\text{m}$ の 1 デバイスとした (図 3.5(a)(b))．なお本実験では，各世代交代モデルにおける集団サ

表 3.2: 10,000 世代における最良染色体の評価値

ES

		母集団 P		
		$n \times 5$	$n \times 15$	$n \times 30$
子 集 C 団	20%	2.19×10^2	4.32×10^2	5.63×10^2
	50%	<u>1.87×10^2</u>	4.70×10^2	6.21×10^2
	75%	2.81×10^2	4.44×10^2	5.39×10^2

MGG

		母集団 P		
		$n \times 5$	$n \times 15$	$n \times 30$
子 集 C 団	20%	<u>5.20×10^2</u>	9.98×10^2	1.29×10^3
	50%	6.11×10^2	2.07×10^3	1.24×10^3
	75%	6.48×10^2	1.14×10^3	1.13×10^3

G3

		母集団 P		
		$n \times 5$	$n \times 15$	$n \times 30$
子 集 C 団	20%	4.64×10^1	7.81×10^1	2.95×10^2
	50%	4.59×10^1	7.81×10^1	2.99×10^2
	75%	<u>4.53×10^1</u>	9.06×10^1	1.30×10^3

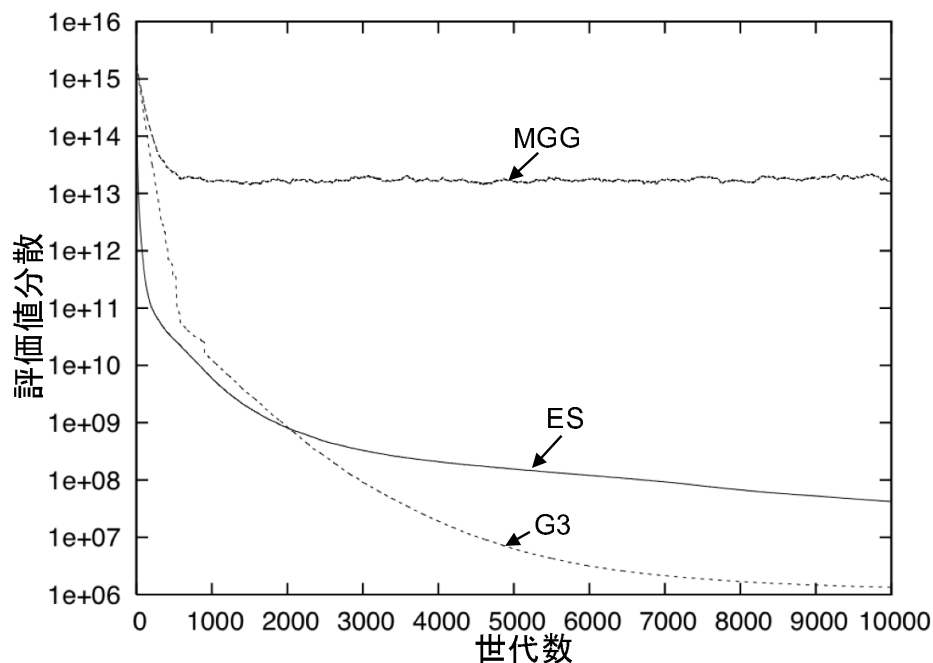


図 3.3: 各世代における評価値分散の推移 ($P = n \times 5, C = P \times 75\%$)

イズは予備実験の結果において評価値が最小となったもの（表 3.3），終了世代数は 3,000 とし，その他のパラメータについては前節の実験と同様のものを用いることとした（表 3.1）。

図 3.6 に，各世代交代モデルを適用し BSIM パラメータ抽出を行った最良評価値の推移を示す．従来法である ES モデルの場合，評価値は約 200 世代前後で収束しており，その後，大きな変化は見られない．その一方で，MGG や G3 モデルの場合においては，染色体の進化が探索初期にて収束することはなく，世代が進むにつれて染色体が進化していることがわかる．特に G3 モデルの場合は，1500 世代周辺で一旦収束の様子を見せるものの，その後も染色体は緩やかに進化している．また，図 3.6 の場合における評価値の分散の推移を図 3.7 に示す．従来法で用いられている ES モデルの場合，探索初期において評価値の分散は急激に小さくなり，その後は一定の値を保って変化していない．これは，染色体の多様性が失われていることを意味しており，前節にて述べた予備実験の場合と同様の傾向を示している．また MGG モデルの場合，評価値の分散は一度減少した後，徐々に上昇するような結果が得られた．一方，G3 モデルの場合，評価値の分散は初期世代から徐々に減少し，1500 世代周辺では非常に小さい値となっている．上述したように，G3 モデルを用いた場合では 1500 世代周辺にて評価値の推移が一旦収束の様子を見せているが，この原因は評価値の分散値が小さくなっている，すなわち染色体の多様性がなくなっていることに起因していると解釈することができる．

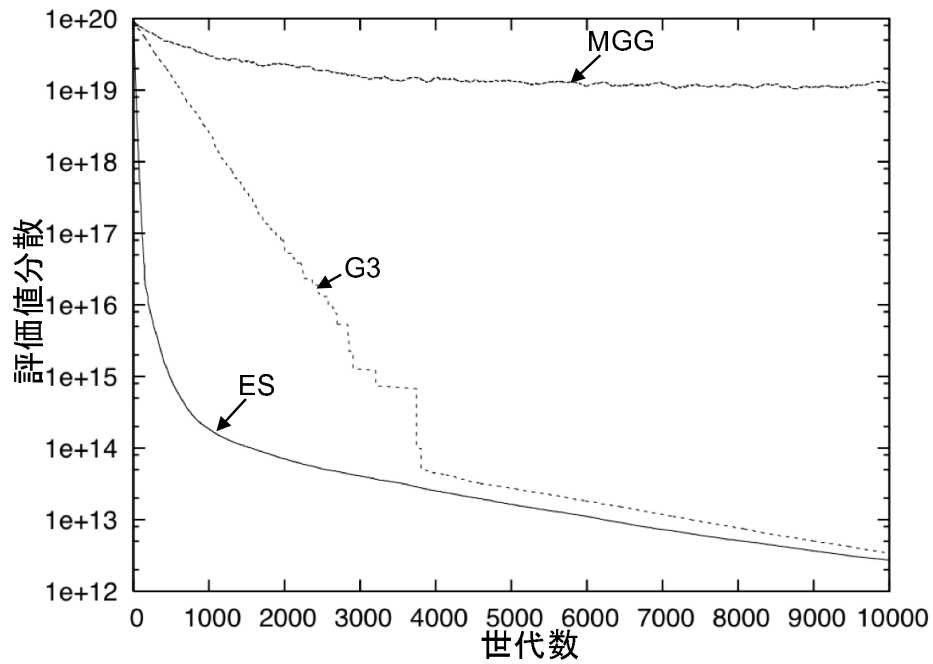
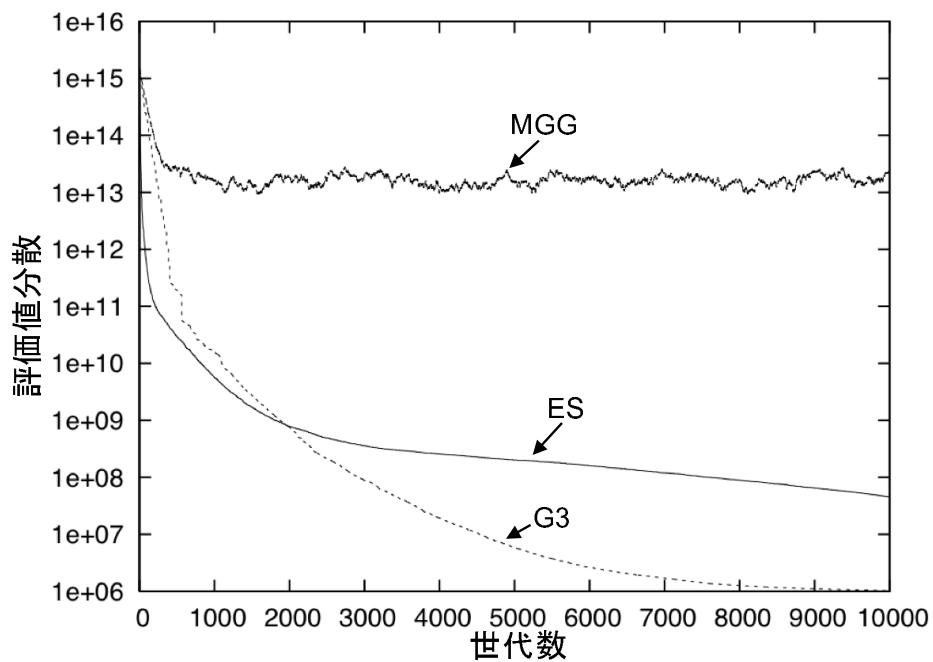
(a) $P = n \times 30$, $C = P \times 75\%$ の場合(b) $P = n \times 5$, $C = P \times 20\%$ の場合

図 3.4: 各世代における評価値分散の推移

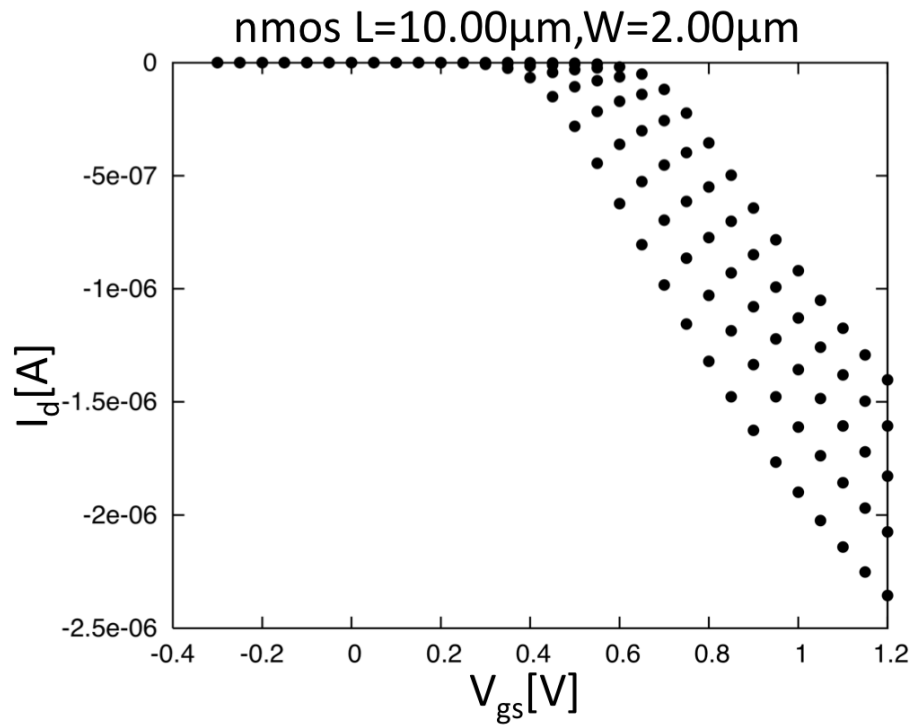
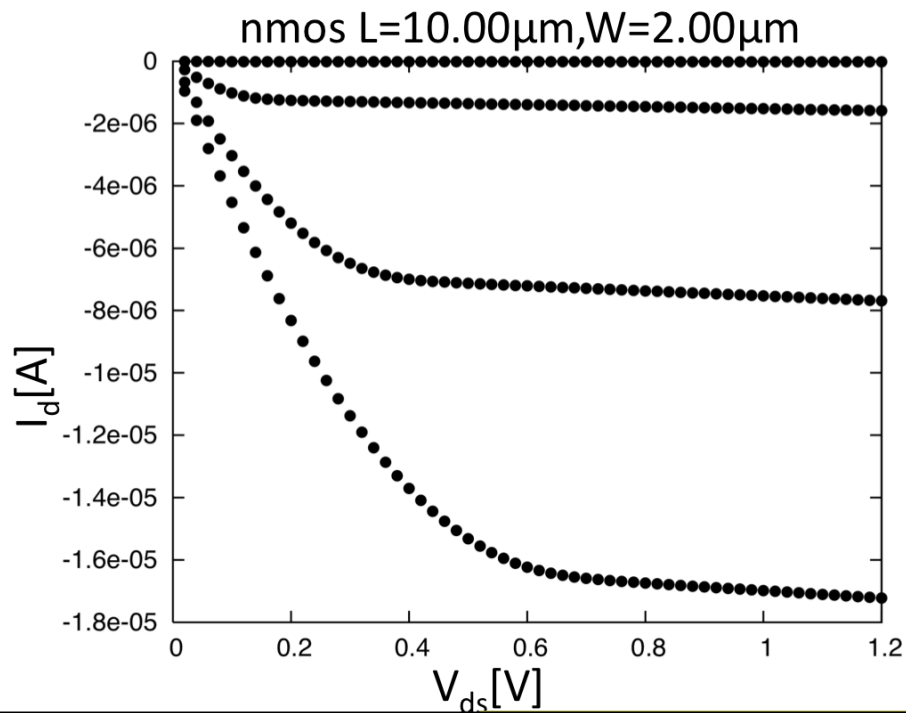
(a) $I_d - V_{gs}$ 特性(b) $I_d - V_{ds}$ 特性

図 3.5: MOS-FET の静特性

さらに，実行時間，すなわち計算コストの観点からも実験結果を検討する．本論文の冒頭で述べたように，GA をはじめとする進化的計算手法は繰り返し計算による探索手法であるため，多くの計算量を必要とする．また，本研究で対象としている問題の場合，染色体の評価にシミュレーションを用いているため，計算コストの大半が染色体の評価に費やされる．すなわちパラメータを高速に抽出するためには，評価回数を少なくする必要がある．ここで，母集団サイズを P ，子集団サイズを C ，世代数を G ，1回のシミュレーションにかかる時間を T_{sim} ，染色体の評価に必要な静特性のグラフ数を N_{graph} とすると，染色体の評価に要する全時間 T_{eval} は

$$T_{eval} = (P + G \times C) \times T_{sim} \times N_{graph} \quad (3.2)$$

となる．上式において， T_{sim} と N_{graph} は，問題により決まるため，この部分での評価時間の削減は望めないが， P ， G ， C の値を小さくすることにより，評価時間が短縮できることを示している．これらの考え方に基くと，本実験では母集団と子集団サイズを表 3.3 の値を用いているため，G3 モデルは ES モデルの約 1.5 倍，MGG モデルの約 3.75 倍の評価時間を要することとなる．図 3.6 の結果においても，G3 モデルにおける 850 世代目での評価値は，MGG モデルにおける 3,000 世代目における評価値と比くらべて小さくなっており，G3 モデルを用いた GA のほうが計算コストの観点からも効率的であると考えることができる．しかしながら，本実験結果は 3,000 世代までの結果であること，また MGG モデルにおいては評価値の推移が飽和していないため，さらに世代を進めることにより，母集団の分散値が大きい MGG モデルのほうがより最適解に近づく可能性もある．今後，この点については更なる検討を行う必要があると考えられる．

表 3.3: 染色体集団サイズ

	母集団サイズ	子集団サイズ
ES	$n \times 5$	50%
MGG	$n \times 5$	20%
G3	$n \times 5$	75%

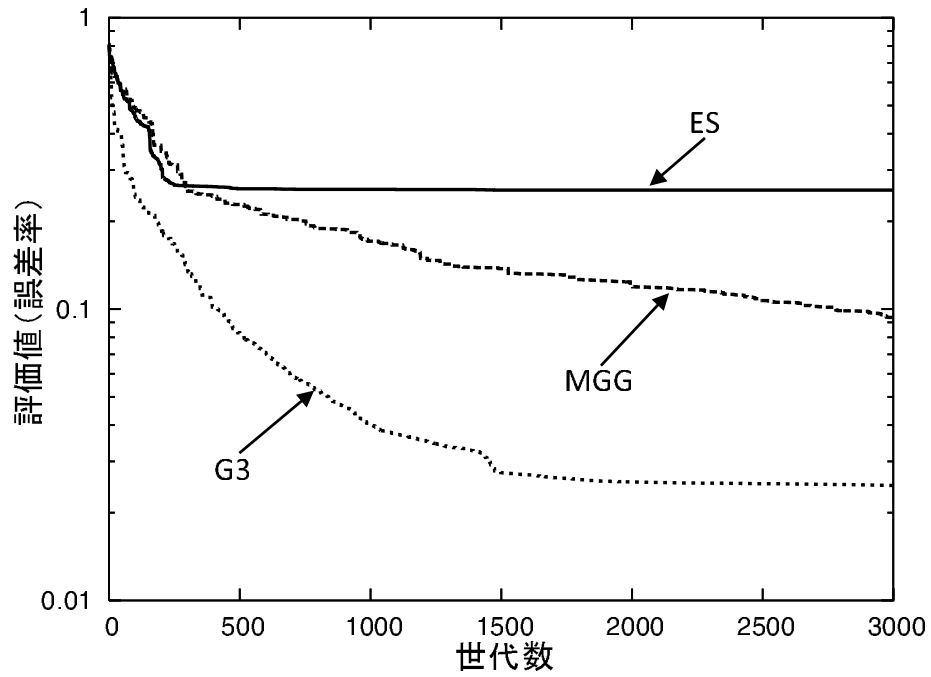


図 3.6: 各世代における評価値の推移

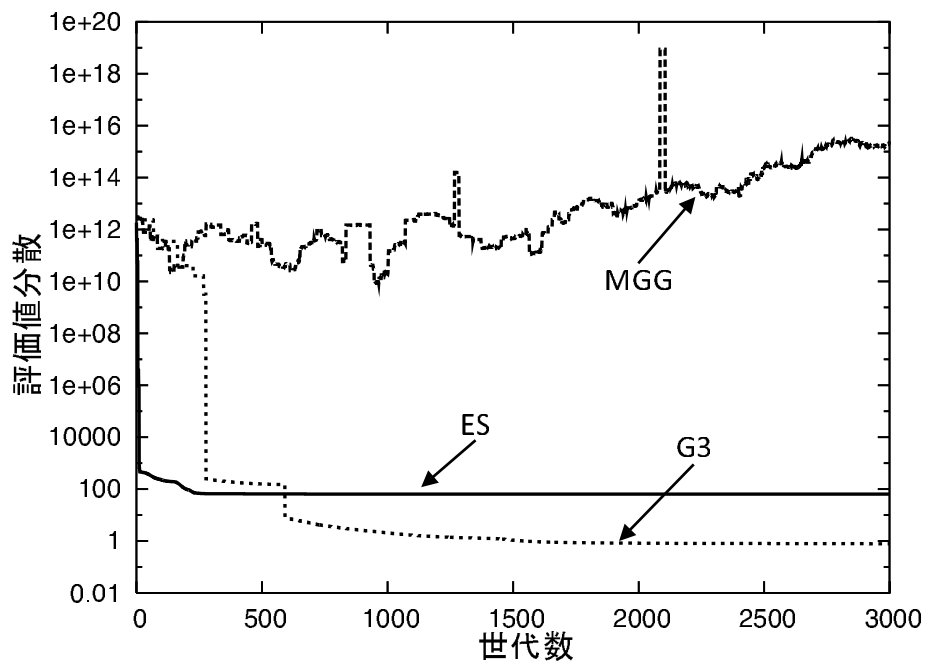


図 3.7: 各世代における評価値分散の推移

第4章

制約付き最適化問題における集団分布を考慮した 遺伝的演算

制約付き最適化問題において GA を適用した場合、実行不能解が生成されるという問題は、しばしば起こる。このため、GA において制約条件を扱うための多くの機構が既に提案されている [11][12]。通常、この種の問題に対する解決策として (1) 致死遺伝子に対して悪い評価値を与える方法 (2) 制約条件を考慮した遺伝的演算により致死遺伝子を生成しない方法の 2 種類が用いられる (1) の方法は、単純で実行しやすい方法ではあるが、本問題のように評価に時間を要する問題に対して有効であるとは言い難い。一方 (2) の方法は、評価に時間を要する問題に対しても適用可能であるものの、演算方法に多くの工夫を要する。本論文では、BSIM パラメータを高速に抽出するという観点から (2) の考え方を採用することとする。

4.1 制約条件が進化に与える傾向に関する予備実験

本問題において (2) の考え方に基づくアプローチとしては、

- A. 従来の方法により子染色体を生成した後、推奨範囲から外れた染色体を補正する
- B. 子染色体を推奨範囲から外れないように生成する

の 2 種類が考えられるが、本稿ではこれらのアプローチに対して複数の方法を提案し、予備実験によりその傾向を調査する。

4.1.1 生成された子染色体を補正する方法

まず A のアプローチとして、以下に示す方法を用いて生成された子染色体を補正する。

- (A-1) 生成した子染色体のうち推奨範囲に入らなかったパラメータのみを境界値に補正する (図 4.1 の (A-1))
- (A-2) 全てのパラメータが推奨範囲に入るように重心方向に向かって補正する (図 4.1 の (A-2))
- (A-3) 生成した子染色体を削除して新たにシンプレクス平面上から点を生成する (図 4.1 の (A-3))

以上の3方法を用いて、実際にパラメータ抽出実験を行った。主な GA パラメータは表 4.1 の値を用いた。また、終了条件は、評価回数が 400,000 世代を越えるまでとした。

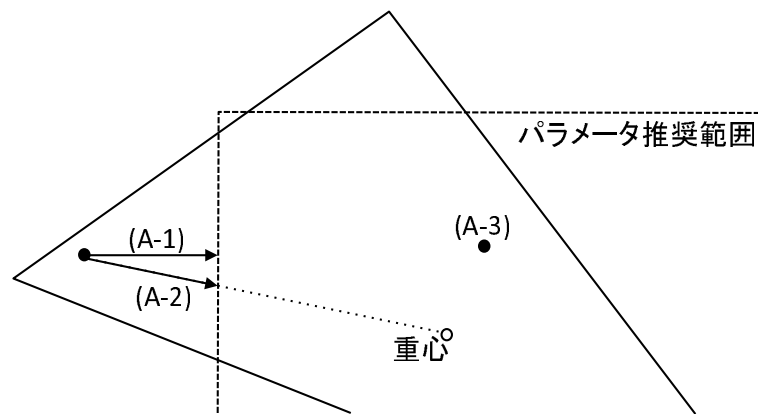


図 4.1: 実行不能解の修正方法

表 4.1: 主な GA パラメータ

パラメータ名	値
試行回数	10
設計変数	37
突然変異	なし
親集団サイズ	$38(n + 1)$
母集団数 P	$185(n \times 5)$
子染色体数	$139(P \times 0.75)$
世代交代モデル	G3

図4.2に、各補正方法を用いた場合の評価値の推移を示す。図において横軸は実評価回数である。実験の結果、方法(A-3)は探索初期から終盤まで全く変化が見られなかった。また、方法(A-1)と(A-2)を比較すると、探索初期から評価回数が約50,000回までは両者に有意な差は見られなかったものの、その後、方法Aの評価値(誤差率)が急速に減少している。このような結果が得られた理由の一つとして、変更されたパラメータ数の違いが考えられる。従来法において用いられているSPXは、染色体集団の分布を保つように子染色体を生成する。しかしながら、推奨範囲外のパラメータを変更することにより、集団の分布は変化することとなる。方法(A-1)は推奨範囲を越えたパラメータのみを補正しているのに対し、方法(A-2)や(A-3)では全てのパラメータ値を変更している。すなわち、推奨範囲内にある(制約条件を満たしている)パラメータの分布をも変更してしまっていることが原因であると考えられる。以上の結果より、本問題においては推奨範囲内にあるパラメータの分布を保ちつつ、推奨範囲外にあるパラメータについてもその分布を考慮しながら補正すべきであるという指針が得られた。

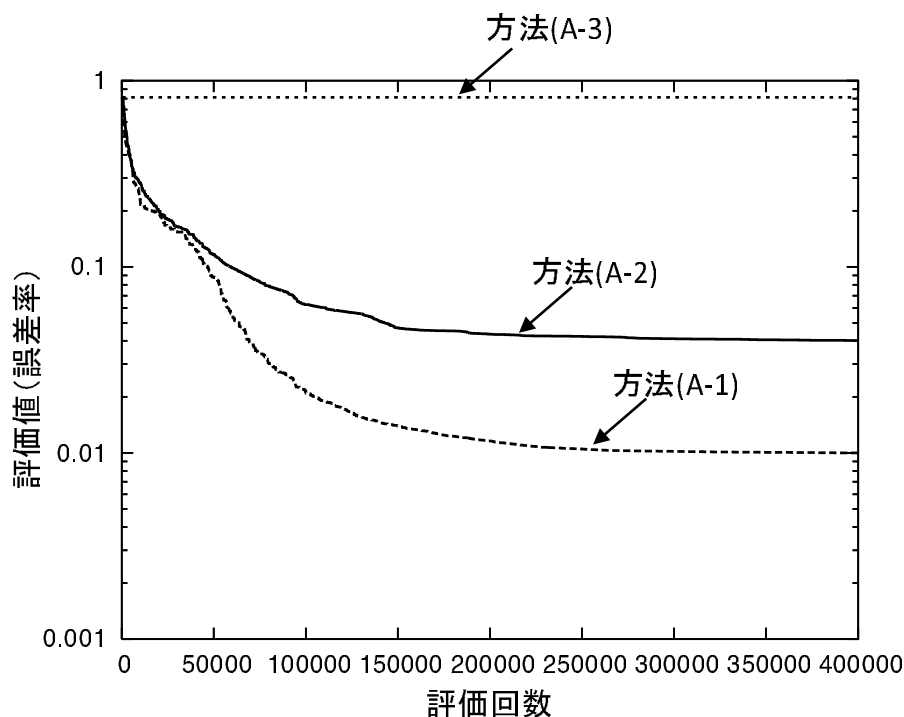


図 4.2: 評価値の推移 (アプローチ A)

4.1.2 推奨範囲を越えない子染色体の生成

次に、BのアプローチとしてSPX-n-m- ε [13]を用いて実験を行った。図4.3にSPX-n-m- ε の概要を示す。SPX-n-m- ε は、染色体を複数の部分染色体に分割し、それらに対してSPXを行うことにより子染色体を生成する。染色体を分割することにより各部分染色体の次元数が下がるため、拡張率 ε の理論値も小さくなる。その結果、制約条件を満たさない子染色体が生成される確率も減少することとなる。ここでは、抽出対象となるパラメータセットを複数のサブセットに分割することにより、生成される子染色体が進化に与える影響を調査した。実験では、親染色体数 m (次元数+1)の値を2から38の間で変化させ、その進化の経過を観察した。なお、ここでは m の値を親染色体数として用いることのできる2から38(分割なし)までの間で経験的に決定し、その値を4, 10, 20, 38の4種類とした。また本実験では、文献[13]を参考に、生成される子染色体数は親染色体数と同じとし、その他のパラメータは表4.1の値を用いた。なお、推奨範囲を越えて生成されたパラメータは、前節で述べた方法(A-1)を用いて補正することとした。

図4.4にSPX-n-m- ε を用いた場合における最良評価値の推移を示す。図より、親染色体数 $m = 10$ の場合が最も進化していることがわかる。また同様に $m = 4, 20$ の場合についても、世代が進むにつれて染色体が進化している。特に、本問題のようにパラメータ間に依存関係がある問題において染色体を分割することは、パラメータ間の依存関係を無視することとなる。また、分割する部分染色体の組み合わせを固定した場合、部分染色体外のパラメータとの強い依存関係を考慮できない。これらは、GAにおける染色体の効率的進化を妨げる要因となる。しかしながらSPX-n-m- ε では、部分染色体の組み合わせを世代ごとにランダムに変化させている。そのため、上述のような問題を極力回避し、染色体を効率的に進化させることを可能にしている。

以上の事柄より、SPX-n-m- ε のようにパラメータセットを分割しても進化効率に悪影響はなく、むしろ積極的に分割することにより、染色体が効率的に進化することが示された。

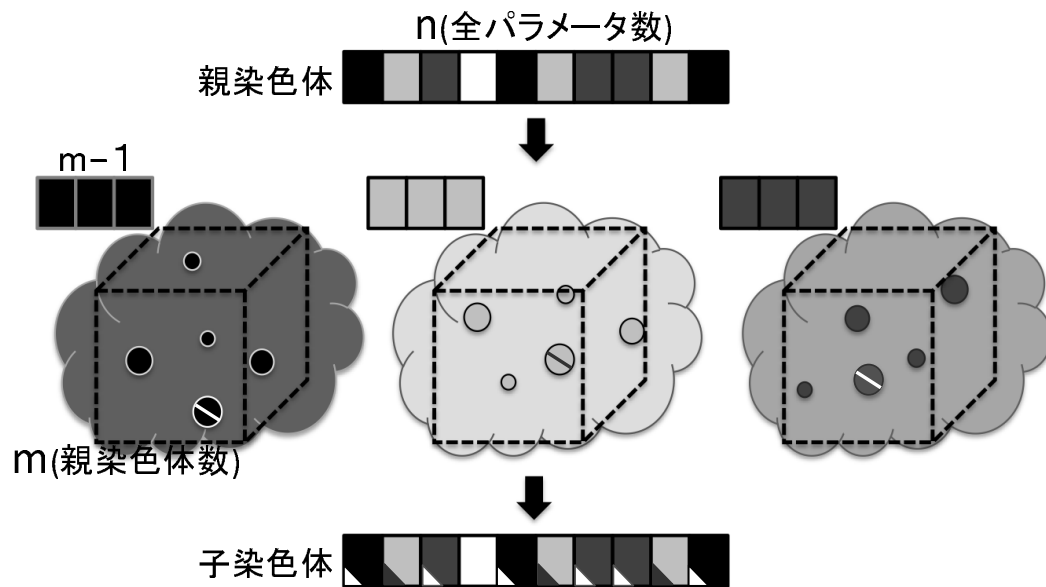
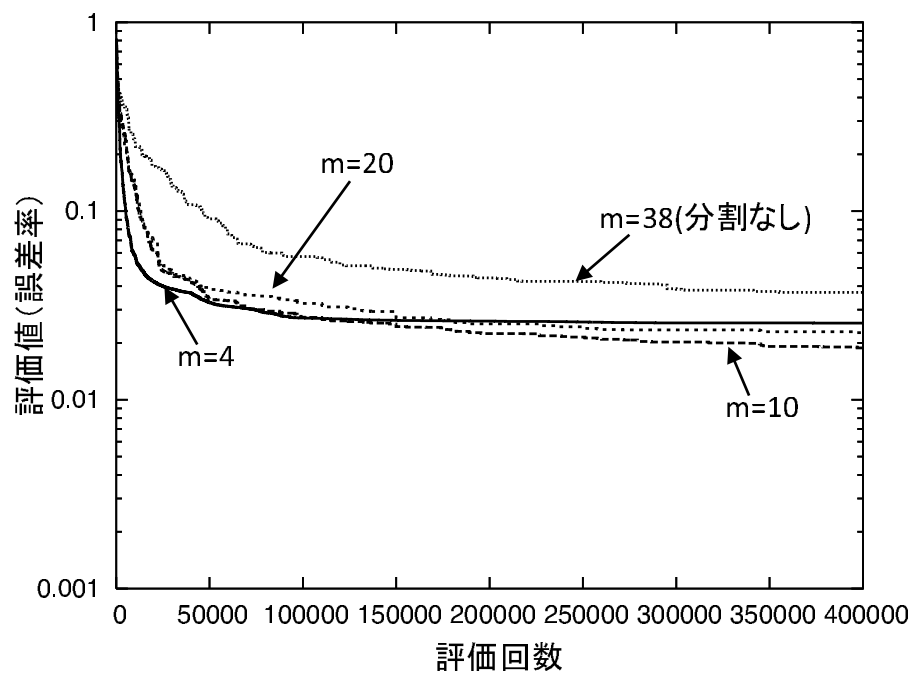
図 4.3: SPX-n-m- ϵ の概要

図 4.4: 評価値の推移 (アプローチ B)

4.2 実行不能解の生成を回避する遺伝的演算

4.2.1 提案法の概要

ここでは、前節にて示した予備実験の結果を踏まえた遺伝的演算を提案する。提案法では、まず全てのパラメータを対象とし、SPXにより子染色体を生成する。生成された子染色体において推奨範囲外のパラメータを含んでいた場合、推奨範囲内のパラメータは値を固定し、推奨範囲外のパラメータのみを対象とした部分染色体によりSPXを行うことで子染色体を修正する。これにより、推奨範囲外のパラメータも集団の分布を考慮しながら子染色体を生成することが可能となる。具体的には、以下に示す手順により子染色体を生成する。

1. 親を $n + 1$ 個選ぶ (そのうち 1 個体はエリート染色体)
2. 選んだ親を用いて n 次元の SPX 平面を張る
3. SPX 平面を拡張率 $\varepsilon = \sqrt{n + 2}$ で拡張する
4. 作られた n 次元 SPX 平面内から一様な確率で子染色体 1 個を生成する
5. 生成された子染色体の中で推奨範囲外のパラメータとその数 l を調べる
6. l が 0 でないなら、推奨範囲外のパラメータについて再生成する
 - (a) 親を $l + 1$ 個選ぶ (そのうち 1 個体はエリート染色体)
 - (b) 選んだ親を用いて l 次元の SPX 平面を張る
 - (c) SPX 平面を拡張率 $\varepsilon = \sqrt{l + 2}$ で拡張する
 - (d) 作られた l 次元 SPX 平面内から一様な確率で推奨範囲外のパラメータのみを再生成する
 - (e) 5 へ戻る
7. 子染色体を $n + 1$ 個生成するまで 4 から 6 を繰り返す

4.2.2 実験結果および考察

本論文では、提案法を実際の BSIM パラメータ抽出問題に適用し、染色体の進化について考察した。GA パラメータは、子染色体数を 139 と 38 の 2 種類のサイズで実験を行うものとし、その他は表 4.1 と同様とした。また、予備実験で最も良い性能を示した方法 (A-1) を比較対象とした。図 4.5 に提案法における評価値の推移を示す。図中の括弧内

の数字は生成される子染色体数である。探索初期において、提案法は方法 (A-1) と比較して進化が遅くれていることがわかる。しかしながらその後、世代が進むにつれて染色体は急速に進化し、最終世代においてはわずかではあるが、方法 (A-1) よりも良い評価値が得られた。また、方法 (A-1) は子染色体数が 38 の場合には探索途中で収束し、進化が停滞していることがわかる。一方、提案法は子染色体数が 38 と 139 どちらの場合においても最終世代における評価値はほぼ同等の値が得られた。なお、一世代あたり評価する染色体数は、子染色体数に依存するため、同じ評価回数で比較した場合、生成する子染色体数が少ないほど世代を重ねることができる。一般的に進化的計算においては、少ない集団でより多くの世代を重ねることが染色体を進化させるとされている。今回の実験においてもこの傾向が現れており、わずかではあるが子染色体数が 38 の場合の方が、評価値が良くなっている。

これらの結果についてさらに考察するため、本論文では母集団におけるパラメータ空間の分布に着目した。図 4.6 に各評価回数における母集団の重心と各染色体との平均距離（これを本論文では集団分布と呼ぶ）の推移を示す。探索初期において、方法 (A-1) を用いた場合、集団分布は拡張していることがわかる。これにより、方法 (A-1) では探索初期に進化が活発に行われたと推察される。一方、提案法を用いた場合の集団分布は急速に縮小しており、進化に停滞が見られたと考えられる。また、図 4.7 に提案法を用いた場合の評価値と母集団の重心から各染色体への平均距離の推移の一例を示す。図では、探索初期から評価回数が 50,000 回程度の間までは、集団分布は縮小する傾向にあるものの、それ以後から拡張傾向に転じている。その後、集団分布は評価回数が 70,000 回付近まで拡張している。さらに一度縮小した集団分布が再度拡張した部分において評価値は急速に下がり始めている。これらの結果は、BSIM パラメータ抽出における効率の良い進化のためには母集団の多様性が重要であるということを示唆している。

また本実験では、Intel Xeon Processor(2.6GHz) のコンピュータ 1 台を使用し、染色体が収束するのに十分な進化をさせるため評価回数を 400,000 回としパラメータ抽出したところ、1 試行あたり 7 時間を要した。一方、手作業で適切なパラメータを抽出するためには約 1 週間を要するものの、手作業の抽出精度は約 0.03 程度である。しかしながら、実際の LSI 設計において要求される精度は、少なくとも誤差率約 0.01 以下とされている。そこでここでは、最大評価回数 400,000 回までに 0.01 以下に達すれば最適化成功とし、10 回試行中の成功回数とその時の評価回数を比較した。表 4.2 にその結果を示す。表からもわかるように、方法 (A-1)、提案法ともに高い成功率を示している。またさらに、提案法では誤差率 0.01 を下回るまでに要する評価回数は従来法と比べて 50,000 回程度少ない。GA を用いたパラメータ抽出において、計算コストの多くを染色体の評価に要していることを勘案すると、提案法を用いることにより、より高速にパラメータを抽出することが可能であると言える。

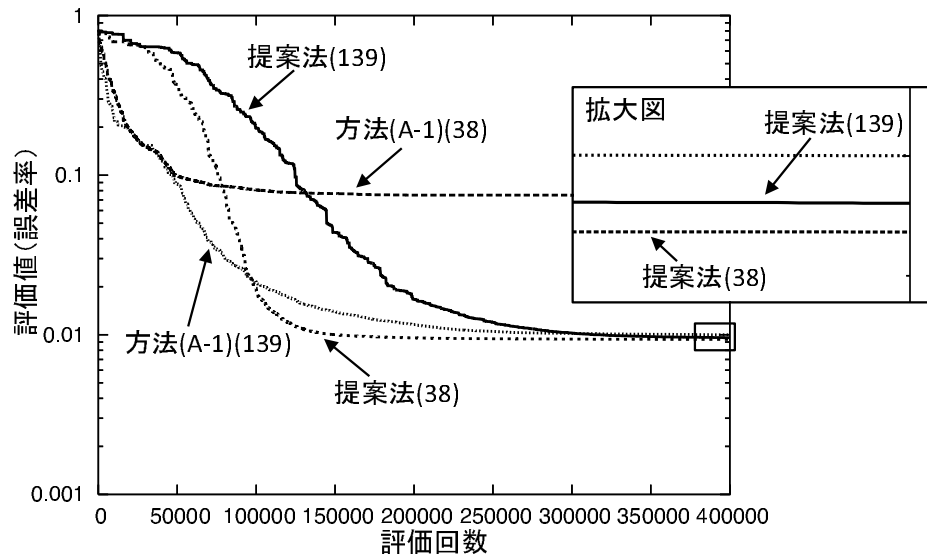


図 4.5: 最良評価値の推移 (提案法と方法 A)

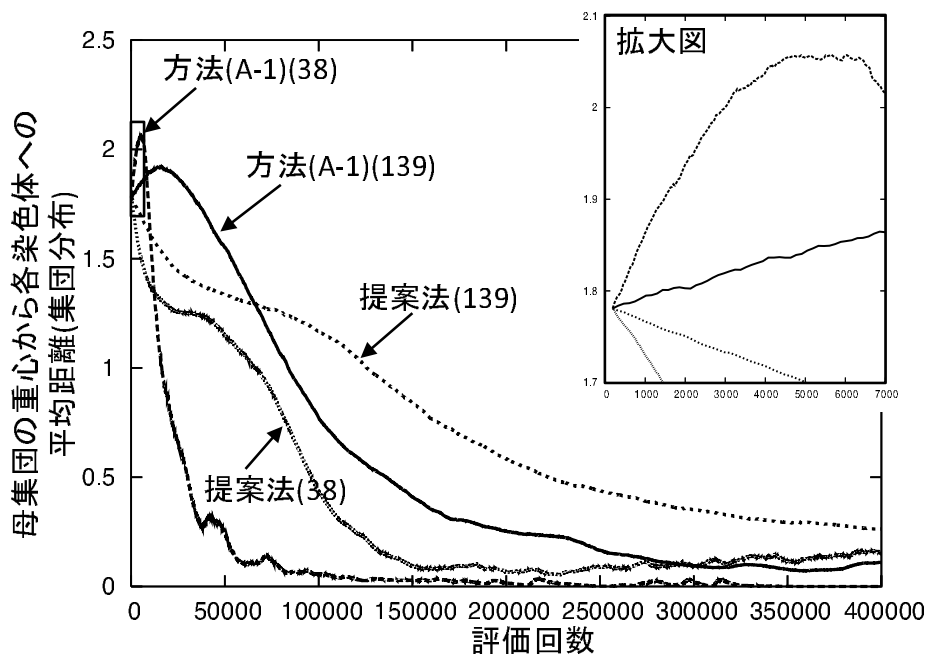


図 4.6: 母集団の重心と各染色体との平均距離の推移

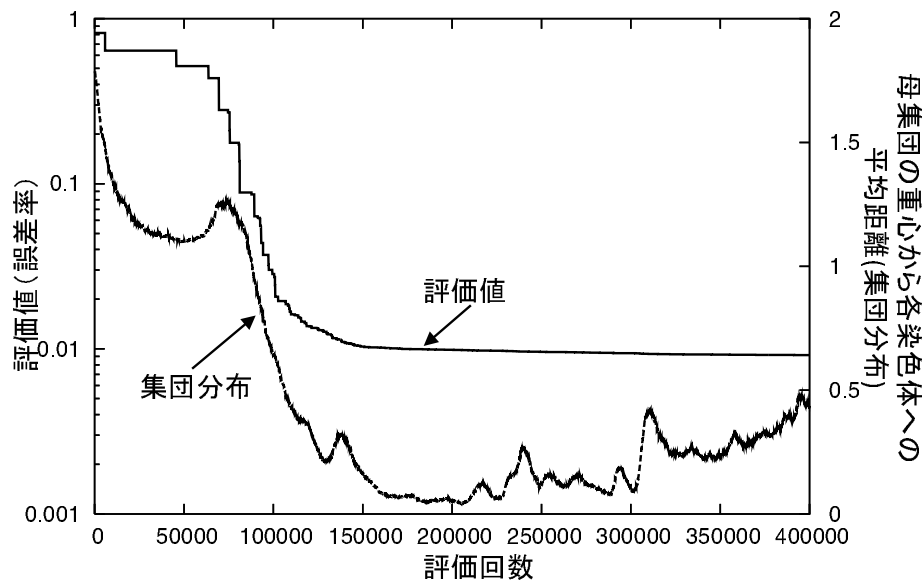


図 4.7: 提案法を適用した場合の最良評価値と母集団分布の推移の例

表 4.2: 10 回試行中の成功回数と平均終了評価回数

	従来法 (38)	従来法 (139)	提案法 (38)	提案法 (139)
10 回試行中の成功回数	0	9	9	9
成功した時の平均評価回数	-	219,758	148,077	306,726

4.3 母集団の収束を考慮した提案法の改良

前節で考察したように、提案法では探索初期において進化が停滞している．また、その原因が探索初期において母集団の分布が縮小していることであることも判明した．そこで、方法 (A-1) と提案法を組み合わせることにより、提案法の改良を試みる（改良法と呼ぶ）．改良法ではまず、探索初期における提案法の集団分布が急激に縮小することを考慮し、探索初期においては方法 (A-1) を遺伝的演算として用い、母集団のばらつきが最大となるところで提案法に切り替える．なお、世代における母集団の変化は、初期値によって変動するため、本来は、母集団分布の傾きを調べながら動的に切り替えるべきである．しかしながら、切り替えるタイミングについてはさらに多くの検討を必要とするため、ここでは提案法への切り替えタイミングを経験的に定めた．

改良法の効果について確認するため、BSIM パラメータ抽出問題に適用した．主な GA パラメータは表 4.1 とし、子染色体数は 38 とした．図 4.8 に方法 A (子染色体数：139) と

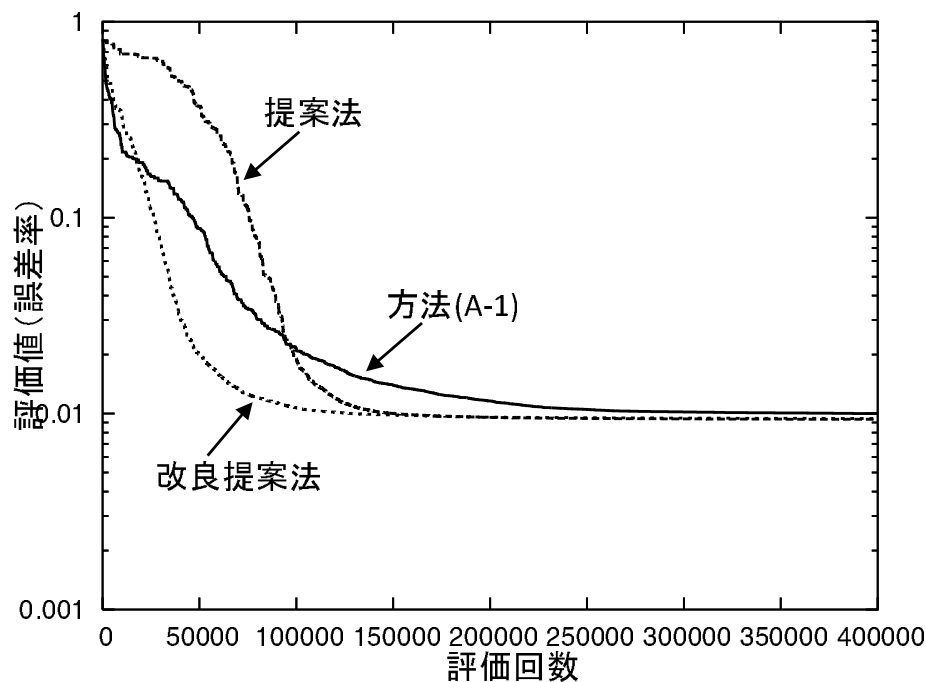


図 4.8: 最良評価値の推移 (方法 A, 提案法, 改良提案法)

提案法 (子染色体数: 38), 改良提案法を用いて BSIM パラメータ抽出を行った場合の最良評価値の推移を示す。図より, 方法 (A-1) を用いた探索初期から提案法に切り替え後の評価回数 70,000 回付近までは, 停滞することなく進化している。しかしながらその後, 最良評価値が 0.01 に近づくと他の方法と同様に収束しているため, 最終世代において, 方法 (A-1), 提案法, 改良提案法の各方法の結果に大きな差は見られなかった。しかし一方で, 10 回試行中の成功回数とその時の評価回数 (表 4.3) は, 10 回全ての試行で成功し, その終了評価回数は 131,000 回と改良前よりも約 85,000 回減少した。このように集団分布を考慮しながら遺伝的演算を切り替えることにより時間を大幅に短縮ができたことがわかる。

表 4.3: 10 回試行中の成功回数と平均終了評価回数

	提案法	改良提案法
10 回試行中の成功回数	9	10
成功した時の平均評価回数	219,758	131,000

第5章

終わりに

本論文では、今まで未検討であった世代交代モデルと制約条件を考慮した遺伝的演算について検討した。まず、BSIM パラメータ抽出に適する世代交代モデルを調査することを目的とした基礎的検討を行った。ここでは従来法として用いられている ES モデルに加えて2種類の世代交代モデルをパラメータ抽出問題に適用し、世代交代モデルと染色体の進化の関係について考察した。実験の結果、G3 モデルに用いることにより、初期収束が抑制されるとともに、染色体の多様性が全世代に渡って保たれるため、結果として染色体が効率的に進化することが明らかとなった。

また、推奨範囲（制約条件）が定められた多数のモデルパラメータ集合を抽出する場合において、実行不能解の生成を回避するための遺伝的演算を提案した。実際の半導体生成に使用する測定データを用いてパラメータ抽出実験を行い、その結果、提案法が GA による BSIM パラメータ抽出に対して有効であることが明らかとなった。

今後の課題としては、さらなる進化の効率化のため他の世代交代モデルとの比較・検討を進めるとともに、G3 モデルの島モデル GA への適用が考えられる。また実際の設計現場では、複数の要求事項を満足するようにパラメータ抽出が行われているケースもある。そのため今後は、これらの分析とともに、設計現場からの要求に応じたパラメータ抽出のための評価関数の分析と検討、それらを多目的問題化したアプローチ等についても検討を進めていく予定である。

参考文献

- [1] BSIM Homepage,
<http://www-device.eecs.berkeley.edu/~bsim3/>
- [2] 鳥谷部達, 三洋電機, (株) 日立製鉄所, リコー, シルパコ・ジャパン: "MOSFET のモデリングと BSIM3 ユーザーズガイド", 丸善株式会社, 2002.
- [3] 西場愛, 川中普晴, 高瀬治彦, 鶴岡信治: "GA を用いた BSIM パラメータ抽出における世代交代モデルに関する一検討", 情報学ワークショップ 2009 (WiNF2009) 論文集, pp. 219-222, 2009
- [4] 馬場俊祐, 行方潤也, 村瀬大輔, 和田哲典, 伊藤桂一, 村川正宏: "遺伝的アルゴリズムを用いた SPICE モデルパラメータの抽出", Technical report of IEICE. VLD 105(307) pp. 21-26, 2005.
- [5] 村川正宏, 小田嘉則, 天川博隆, 馬場俊祐, 樋口哲也, 西謙二: "並列遺伝的アルゴリズムを用いたプロセスモデルパラメータ抽出" 応用物理学関係連合講演会 Vol.50 p. 64, 2003
- [6] T.Higuchi, S.Tsutsui, and M.Yamamura: "Theoretical analysis of simplex crossover for real-coded genetic algorithms," Parallel Problem Solving from Nature(PPSN-VI), pp.365-374, 2000
- [7] 村川正宏: 日本国特許庁 (JP) 公開特許公報 (A), P2005-38216A, 2005
- [8] 佐藤浩, 小野功, 小林重信: "遺伝的アルゴリズムにおける世代交代モデルの提案と評価", 人工知能学会誌 Vol.12 No.5 pp.734-743.1996
- [9] Deb, K., Joshi, D., and Anand, A. "Real-coded evolutionary algorithms with parent-centric recombination," Proceedings of the Congress on Evolutionary Computation (CEC-2002) pp. 61-66, 2002
- [10] H.H.Rosenbrock, "An Automatic Method for finding the Greatest or Least Value of a Function", The Computer Journal 3, pp.175-184, 1960

- [11] D.E.Goldberg, "Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning," Addison-Wesley, 1989
- [12] 染谷博司, 山村雅幸: "最適解の位置にロバストな実数値型 GA を実現する Tooidal Search Space Conversion の提案 ", 人工知能学会誌 Vol.16 No.3 pp . 333-343 , 2001
- [13] S.Tsutsui, M.Yamamura, T.Higuchi, "Multi-parent Recombination with Simplex Crossover in Real Coded Genetic Algorithms," Proceedings of the 1999 Genetic and Evolutionary Computation Conference, pp . 657-664, 1999

謝辞

本研究の遂行および修士論文の作成にあたり，丁寧なご指導とご助言を頂きました本学工学研究科電気電子工学専攻の高瀬治彦准教授，川中普晴助教，本学地域イノベーション学研究科の鶴岡信治教授に感謝致します．そして貴重な時間をさいて本論文を査読して頂いた本学工学研究科電気電子工学専攻の小林英雄教授に深く感謝致します．また，日頃お世話になった情報処理研究室の皆様に感謝致します．

最後となりましたが，本論文をまとめるにあたり，助言，討論，その他お世話になったすべての方々に感謝致します．

発表論文リスト

国際会議

(1) A.Nishiba, H.Kawanaka, H.Takase, S.Tsuruoka, "A Proposal of Genetic Operations Considering the Constraints for BSIM Parameter Extraction", Proc. of Joint 5th International Conference Systems (SCIS & ISIS 2010), pp.881-885, 2010

国内会議

(1) 西場愛, 川中普晴, Hong Jee Young, 高瀬治彦, 鶴岡信治: "多目的遺伝的アルゴリズムを用いた BSIM モデルパラメータの自動抽出に関する一検討", 平成 20 年三重地区計測自動制御研究講演会 講演論文集, B-14, 2008

(2) Hong Jee Young, 川中普晴, 西場愛, 高瀬治彦, 鶴岡信治: "MOSFET 静特性における部分領域の特性を考慮した Bsim モデルパラメータの自動抽出に関する一検討", 平成 20 年三重地区計測自動制御研究講演会 講演論文集, B-13, 2008

(3) 西場愛, 川中普晴, 高瀬治彦, 鶴岡信治: "多目的遺伝的アルゴリズムを用いた BSIM モデルパラメータの自動抽出～使用目的を考慮した抽出法に関する一検討～", 第 19 回インテリジェントシステムシンポジウム講演論文集, pp. 124-127, 2009

(4) 西場愛, 川中普晴, 高瀬治彦, 鶴岡信治: "GA を用いた BSIM パラメータ抽出における世代交代モデルに関する一検討", 情報学ワークショップ 2009 (WiNF2009) 論文集, pp. 219-222, 2009

(5) 西場愛, 川中普晴, 高瀬治彦, 鶴岡信治: "実数値型 GA を用いた BSIM モデルパラメータ抽出における遺伝的演算とその進化への影響に関する一検討", 第 20 回インテリジェントシステムシンポジウム講演論文集, S3-5-3(Paper No.108), 2010

(6) 西場愛, 川中普晴, 高瀬治彦, 鶴岡信治: "実数値型 GA を用いた BSIM パラメータの自動抽出～制約条件を考慮した遺伝的演算に関する一検討～", 平成 22 年三重地区計測自動制御研究講演会 講演論文集, A-07, 2010