画像流速場計測法への遺伝的アルゴリズムの適用

山 田 英 巳*・山 根 一 洋**

Application of Genetic Algorithm to Particle Image Velocimetry

Hidemi YAMADA* and Kazuhiro YAMANE**

A new image velocimetry which measures velocity distributions from dynamic image of visualized flow field was utilized by applying a genetic algorithm to a velocimetry based on a tracking of particles image pattern. It was demonstrated by measuring velocity vectors around a circular cylinder that the new image velocimetry was effective.

Key Words: particle image velocimetry, genetic algorithm, pattern matching, visualized flow analysis

1. はじめに

流れ場の可視化動画画像に画像解析を施すことにより速度分布を計測する画像流速計は、広範囲の流れ場を同時計測できる長所を有するため、これまでに種々の解析原理¹⁾が提案されている。このうち、濃度パターン追跡法^{2),3)}は計測する流れ場の既知情報を必要とせず、可視化実験における制約も少なく、流れ場の任意の領域での速度検出ができる等の点で実用性に優れた画像流速計の一つである。

しかしながら、一般に画像解析に基づく流速場計測法では過誤の速度ベクトルが生じ易いという問題がある。そのため得られた計測結果にニューラルネットワークや遺伝的アルゴリズムを利用して過誤ベクトルの判定・削除などを行う方法^{4),5)}が提案されている。しかしながら、削除された速度ベクトルの欠落を補うことは難しく、また過誤ベクトルの判定を行う前に一度何らかの画像計測法により速度ベクトル分布を求める必要があるため、二重の処理を前提としなければならない。

したがって、本研究では、流れ場の速度ベクトル分布を画像計測する段階から過誤ベクトルの発生を低減できるように、濃度パターン追跡法^{2),3)}に遺伝的アルゴリズム(GA)⁶⁾を適用する一方法について述べる。

2. 遺伝子と評価関数

流体中に混入されたトレーサ微粒子により可視化された流れ場の画像は空間的な明度の濃淡分布を形成する。濃度パターン追跡法^{2),3)}は、Fig. 1に示すように、時間差 Δt を隔てた2枚の濃淡画像間において $n \times n$ マトリクスの画素小領域内の濃淡分布パターンの類似性の高い対応部分を見つけて、

小領域の移動距離から速度を求める方法である。小領域間の類似性の高さは、相互相関係数が大きい²⁾か、輝度差が小さい³⁾かにより評価されるが、ここでは計算処理の時間短縮のため後者を用いる。

パターン追跡法では、第1画面上で速度 V を求めたい計測画素点 p が Δt 時刻後の第2画面上の点 q に移動するとき、 $V = \overrightarrow{pq} / \Delta t$ として速度ベクトルを求める。ここで、GA を利用する本研究では各計測画素点毎に移動ベクトル $\overrightarrow{pq}$ の成分 (lx, ly) を染色体とする遺伝子を有する個体群を用意する。各個体は、下式に示すような第1画面上の画素小領域の輝度分布 f_1 と、移動ベクトル成分によって指定された第2画面上の画素小領域の輝度分布 f_2 とのマッチング誤差からなる評価関数値 E を有する。

$$E = \sum_{\Delta x} \sum_{\Delta y} |f_2(X + lx + \Delta x, Y + ly + \Delta y) - f_1(X + \Delta x, Y + \Delta y)|$$

(X, Y) は第1画面上での計測画素点の位置を、 $\Delta x, \Delta y$ は画素小領域内の位置を示す変数である。上式は輝度差に基づくパターン追跡法の評価関数であり、その値 E が小さい個体ほど適応度が高いと考えられる。評価関数を小さくする遺伝子 (lx, ly) を有する個体を次世代に残し、そうでない個体は選択・交叉を行うことで次世代における適応度を高めるものとする。なお選択・交叉を行う相手の個体には、流れ場の連続性を考慮して、計測画素点の周囲の画素点における個体群の中から適応度の高い優良遺伝子をもつ個体を選ぶものとする。

Fig. 1 Tracking of particles image pattern

* 徳山工業高等専門学校 徳山市久米高城 3538

** 長岡技術科学大学 長岡市上富岡町 1603-1

* Tokuyama College of Technology, Tokuyama

** Nagaoka University of Technology, Nagaoka

(Received May 14, 1996)

(Revised December 6, 1996)

3. GA の操作手順

濃度パターン追跡に基づく画像流速場計測法へのGAの適用は、Fig. 2に示すように[1]初期化、[2]選択、[3]交叉および[4]突然変異というGAの操作を取り入れることで実現させる。以下に[1]～[4]の各操作の内容について述べる。

[1]初期化(Initialization)：第1画面上の計測画素点(X, Y)のすべてに対して、染色体のペア(lx, ly)を遺伝子にもつ m 個の個体を用意する。その際、 lx, ly の値はそれぞれ別個に個体数 m の数だけ $u \times u$ 画素の捜査範囲内の値としてランダムに与える。この段階を第0世代とする。

[2]選択(Selection)：まず第1画面左上端部の計測画素点(X, Y)に所属する個体群について適応度の評価を評価関数 E により行う。平均値を超える評価関数の値を有する個体の遺伝子を全て淘汰する。淘汰されたすべての遺伝子の染色体位置に、この時点で同一画素点に所属する個体群の中で評価関数が最小となる適応度の最も高い遺伝子(以後、これを初期優良遺伝子と呼ぶ)の染色体を複写する。初期優良遺伝子をもつ1個体を除く($m-1$)個の個体群の中から確率 p_r (=50%)で交叉対象としての個体を選択する。選択された各個体の交叉の相手は、当該画素位置(X_i, Y_j)とその隣接4近傍にある計測画素位置(X_{i-1}, Y_j), (X_{i+1}, Y_j), (X_i, Y_{j-1}), (X_i, Y_{j+1})に所属する初期優良遺伝子をもつ5つの個体の中からランダムに1つ選ばれる。以上の操作を画面内の全計測画素点に対して同様に行った後、再び画面左上端部の最初の計測画素位置に戻り次の操作に移る。

[3]交叉(Crossover)：個体間の交叉は、当該画素位置の遺伝子の染色体ペア(lx, ly)の任意の片側成分と上述のようにして選択された個体の遺伝子の染色体ペアの同一の片側成分の遺伝子を組み替えることにより行う。以上の操作を全計測画素点に対して同様に行った後、最初の計測画素位置に戻り次の操作に移る。

[4]突然変異(Mutation)：各計測画素位置に所属する個

体群の一部を新しいランダムな遺伝子をもつ個体に置き換える操作を言う。初期優良遺伝子をもつ1個体を除く($m-1$)個の個体群の中から確率 p_m (=30%)で突然変異を行う個体を選び、その成分 lx および ly の値をランダムに変化させる。以上の操作を全計測画素点に対して行った後、次の操作に移る。

以上の[2]から[4]までの操作が1世代分の流れに相当する。[4]の手順が終了した時点での各計測画素点毎に適応度が最大(評価関数値が最小)である個体の遺伝子が指す値が当該世代で得られる移動ベクトルの成分となる。その値(lx, ly)により定まる評価関数 E の全計測画素点にわたる総和が、ある一定値に収束するまで[2]から[4]の操作を繰り返す。

4. 実画像からの速度計測

GAを用いた画像流速場計測法の有効性を検討するため、Fig. 3に示すように、トレーサー微粒子(比重1.03, 粒径0.147~0.295 mm)を混入した開水路水槽中に円柱を設置してその後方に規則正しいカルマン渦列(レイノルズ数135)を形成させて、速度ベクトル分布の計測を行った。円柱の側方から撮影された動画は、ビデオボードを介して輝度の分解能256階調、画面サイズ144×96画素でパーソナルコンピュータに読み込まれる。ここでは0.1秒の時間間隔をもつ2枚の画像を用いた。

Fig. 4は、個体数を $m=10$ 、画素小領域を $n=11$ 画素とした場合の第1, 第3および第5世代における円柱周りの速度ベクトル分布を示す。なお速度ベクトルは、144×96のすべての画素点に対して求められているが、図には x, y 方向ともに4画素につき1つの画素点の割合で表示している。第1世代の計測点の多くにランダムな速度ベクトルが生じているが、世代を下るにつれて過誤ベクトルが急激に減少している。通常の濃度パターン追跡法²⁾の場合、画素小領域が $n=11$ 画素以下の条件ではまだかなり多くの過誤ベクトルが発生すると言われているにもかかわらず、本方法では第5世代になると過誤ベクトルはほとんど生じておらず、GA処理の効果が明白に現れている。しかし、図を省略した $n=5$ および7画素の場合、第10世代の速度分布においてもまだ過誤ベクトルが多く存在し、これをなくすにはかなりの世代を下らねばならな

Fig. 2 Processing of genetic algorithm

Fig. 3 Visualization and image sensing

(a) 1st generation

(b) 3rd generation

(c) 5th generation

Fig. 4 Velocity vectors on each generation

いものと予想される。

5. む す び

流れ場の連続性を考慮した選択、交叉を行う遺伝的アルゴリズムをパターン追跡法に適用すると、過誤ベクトルの少ない速度分布が得られる可能性があることが分かった。ただ、本方法は本質的には可視化動画の良否に依存しており、ノイズの大きい動画像に対しては依然としてミスマッチングに陥る可能性がある。今後はこれを防ぐためにGAの評価関数を改善する必要がある。なお、GAを適用すると捜査範囲が大きい場合には従来のパターン追跡法に比べ処理時間の短縮効果も生じるものと期待される。

本研究の一部は平成7年度文部省科学研究費一般研究(C)の援助を受けた。記して謝意を表す。

参 考 文 献

- 1) 小林, ほか: 画像解析技術を利用した流動解析, 日本機械学会講習会資料, No. 930-19 (1993)
- 2) 木村, 高森, 井上: 相関を利用した流れ場の速度ベクトル分布の画像計測, 計測自動制御学会論文集, **23**-2, 101/107 (1987)
- 3) 加賀, 井上, 山口: 気流分布の画像計測のためのパターン追跡アルゴリズム, 可視化情報, **14**-53, 108/115 (1994)
- 4) 木村, 山下, 黒江: ニューラルネットワークによる過誤ベクトルの判定, 日本機械学会講演論文集, No. 920-68, 310/312 (1992)
- 5) 木村, 中見: 遺伝的アルゴリズムによる速度場の過誤ベクトル判定, 計測自動制御学会論文集, **31**-9, 1304/1309 (1995)
- 6) 北野: 遺伝的アルゴリズム (1993), 産業図書