

遺伝的アルゴリズムを用いたスティッチング

3次元表面性状を計測、あるいは観察する装置として、干渉顕微鏡、レーザ顕微鏡、プローブ顕微鏡などがあります。これらの装置の高さ方向の分解能は極めて高く、目的に応じて計測条件を適切に選択すれば、原理的に計測不能な性状を除いて良好な結果を得ることができます。一方、横方向については、対物レンズあるいは計測ヘッドを選ぶことによって、計測領域と分解能が決定されます。

また、選択した領域よりも広い範囲を評価したい場合には、計測領域の一部をオーバーラップさせるように複数の計測を行い、その後、重なり合う部分を繋ぎ合わせるようにして評価領域を広げる機能（スティッチング）が付いています。この場合、オーバーラップさせる位置については未知であることが前提になるので、コンピュータ上で複数の計測データを左右前後に少し移動量を探索することによって繋ぎ合わせることとなります。

ただし、古い機種には、このような機能がありません。そこで、レーザ顕微鏡を対象として、遺伝的アルゴリズムによるスティッチング機能をユーザサイドで付与するプログラムを作成しました。遺伝的アルゴリズムは、生物の進化を模擬した最適化技法の一種であり、探索したい変数を染色体に割付け、最適化したい評価値を適応度に設定することによって、適応度を最大あるいは最小にする変数を求めることができます。

縦横2分割ずつ合計4個の1部ラップするレーザ顕微鏡の計測結果（試料：成形樹脂製品、使用対物レンズ：50倍、256×256画素）を対象として、次の手順でスティッチングを行いました。まず、図1の1と2、及び3と4をスティッチングして横長の2つのデータを作成します。その後、2つの横長データを縦方向にスティッチングして4データの結合を完了します。

適用した遺伝的アルゴリズムの条件を表に示します。また、4データのスティッチングの結果を図2に示します。同図において、全評価領域の最大高低差は30 μm 、重ね合わせた部位の高さ方向の相違は、標準偏差で0.3 μm と良好な結果を得ました。

また、計測領域は256 μm ×256 μm から439 μm ×418 μm へと拡張することができました。

表

項目	摘要
適応度	データのラップする部位の画素における高さの差の2乗和
集団サイズ	10000個
ラップ範囲	縦、横とも0 μm から200 μm
染色体長	16ビット(8ビットづつ2変数)
交叉点数	2(交叉位置:確率的)
突然変異	0.2(確率)

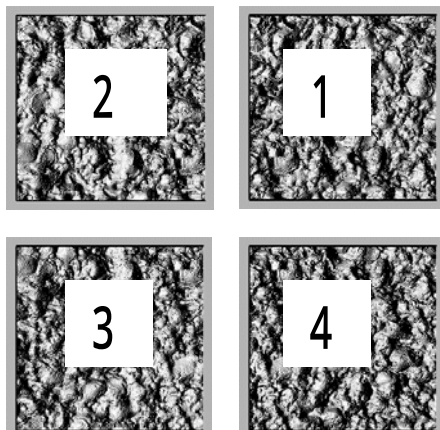


図1 50倍対物レンズ使用：1データの計測領域256 μm ×256 μm



図2 スティッチング結果：全評価領域439 μm ×418 μm



工業技術部 機械電子室 伊藤俊治 (shiyunji_1itou@pref.aichi.lg.jp)

研究テーマ：新しいデータ処理による表面粗さ・形状計測

指導分野：精密測定、粗さ測定、形状測定