

유전적 알고리즘에 의한 PIV계측법

도덕희* · 조용범** · 홍성대***

Particle Imaging Velocimetry using Genetic Algorithm

DeogHee Doh, YongBeom Cho and SeongDae Hong

Key Words: Particle Imaging Velocimetry, Genetic Algorithm, Computer Simulation, Forced Vortex

Abstract

Particle Imaging Velocimetry (PIV) is becoming one of essential methods to measure velocity fields of fluid flows. In this paper, a genetic algorithm capable of tracking same particle pairs on two separated images is introduced. The fundamental of the developed technique is based on that on-to-one correspondence is found between two tracer particles selected in two image planes by taking advantage of combinatorial optimization of the genetic algorithm. The fitness function controlling reproductive success in the genetic algorithm is expressed by physical distances between the selected tracer particles.

The capability of the developed genetic algorithm is verified by a computer simulation on a forced vortex flow.

기호설명

d : 두 화상간의 거리, $\sqrt{(x1-x2)^2 + (y1-y2)^2}$
 $x1, x2, y1, y2$: 두 화상에서의 입자들의 좌표(pixel)

1. 서론

유동장의 매질과 동일한 비중의 입자를 투입한 후 이들 입자들의 거동을 해석함으로써 유동장을 해석하는 방법인 PIV(Particle Imaging Velocimetry) 방법⁽¹⁾은 동시다점계측이 가능하므로 非定常유동장의 해석에 유리하다는 장점으로 부터 최근에 각광을 받고 있다. 지금까지는 유적선해석법⁽²⁾, 입자중심추적법⁽³⁾, 상관법⁽⁴⁾⁽⁵⁾⁽⁶⁾ 등을 이용한 화상해석알고리즘이 개발되어 있다.

이들의 속도계측법에서는 유동장의 특성에 따라서 각각의 적용알고리즘의 장점이 최대한 발휘하게 되지만 경우에 따라서는 알고리즘의 한계로 인하여 얻어지는 속도벡터의 수가 적거나 혹은 얻어진 속도벡터들 중에서 오류를 포함하는 경우가 있다.

본 연구에서는 범용성이 있으면서 얻어진 속도벡터들 중에서도 오류를 최대한 줄이기 위한 방안의 하나로서 생물의 진화법칙에 의거한 유전적 알고리즘(Genetic Algorithm, 이하 GA라 함)⁽⁷⁾⁽⁸⁾을 이용하여 PIV에서 속도벡터 추출의 중요한 부분을 차지하는 새로운 입자추적법을 개발하고자 한다.

이 방법은 두 장의 연속된 화상을 해석의 대상으로 하여 GA를 이용한 조합최적화에 의해, 두 화상에서 전체 입자들에 대한 1대 1 대응을 할 수 있는 입자들을 찾아내는 방법이므로 얻어지는 속도벡터의 개수를 증대시킬 수가 있으며 또한, 얻어진 속도벡터들 중에서도 오류를 최소화 할 수 있는 특징을 지니고 있다.

* 한국해양대, 기계·정보공학부

** 한국해양대, 기계·정보공학부 대학원

*** 한국해양대, 냉동공조공학과 대학원

Table 1 Elements for GA

Gene(유전자)	제1화상	$x1, y1$ 좌표
	제2화상	$x2, y2$ 좌표
	d	거리
Chromosome(염색체)	gene	입자의 개수만큼
	fitness	$\frac{1}{\sum d}$
Individual(개체)	Chromosome의 집합	

2. PIV를 위한 GA

유전적 알고리즘은 하나의 해결책으로부터가 아닌 해결책들의 집합 속에서 찾는다. 즉, 불확실한 다른 지식이 아닌 확실한 함수를 사용하고 결정론적인 법칙을 사용하는 것이 아니라 개연론적인 방법을 사용한다는 점으로부터 시스템의 최적화문제에 많이 적용되고 있다. 본 연구에서는 GA의 이와 같은 점을 이용한 PIV계측법을 구축하고자 하였으며 GA를 바탕으로 PIV알고리즘을 구축함에 있어서 고려해야 하는 사항은 다음과 같으며 이때 GA를 PIV에 적용하기 위한 요소들은 Table 1에 나타나 있다. 일반적으로 PIV를 위해서는 시간차를 가진 두 장 이상의 화상이 필요하게 되는데 유전자(gene)로서는 제 1시각 화상과 제 2시각 화상에서의 입자들의 위치들을 이용하였다. 염색체로서 추적입자들의 대응후보들을 입자개수만큼 나열한 것과 적합도(fitness)를 포함한 것을 하나의 염색체로 보았다. 개체란 이들 염색체들을 모두 모아 둔 것을 말하며 본 연구에서는 20개의 염색체를 하나의 개체로 보았다.

2.1 유전적 알고리즘

2.1.1 초기화(Initialization)

인위적인 진화현상이 일어날 초기 염색체 집단을 형성하는 것이다. 초기화단계에서 이 염색체가 나중에 해로 발전하게 되므로 초기염색체의 선정이 매우 중요하다. 임의로 염색체를 선택하게 되면 해의 수렴에 많은 시간이 소요되고, 또 국소적인 탐색의 가능성이 있으므로 최대한 해가 골고루 탐색영역에 분포되게 하여 국소적인 탐색

이 되지 않도록 하여야 한다. 본 연구에서는 이를 고려하여 난수를 이용하여 초기 염색체집단을 형성하였다.

2.1.2 재생산(Reproduction)

자연계의 적자생존의 현상을 모방한 인공적인 메커니즘이다. 자연계에서는 환경에 더 적합한 염색체가 더 많은 생존의 기회를 가지게 되므로 이를 고려한 알고리즘을 구현하기 위하여 재생산 연산자는 현 집단내의 염색체들을 적합도의 크기에 비례하는 확률을 가지고 선택, 교배급원을 형성한다. 이 연산자는 확률적으로 적합도가 큰 개체들을 선택함으로써 전체집단을 강하게 한다. 실현방법으로는 룰렛휠 등이 있으나 본 연구에서는 추적입자들 간의 거리가 제일 작게 판정되는 교배급원들만을 선택하여 재생산에 사용되게 하였다.

2.1.3 교차(Crossover)

주요한 유전인자로 자연계에서의 성적 재생산(sexual reproduction)을 알고리즘 형태로 흉내낸 것이다. 교배를 통해 염색체의 유전정보를 혼합하는 과정이다. 교차인자는 동시에 두 개의 염색체를 가지고 있고 두 염색체의 형질을 혼합하여 후세를 만든다. 교차에서는 여러 가지 형식이 존재하는데 유전 알고리즘에서 사용되는 일반적인 형식으로는 한점교차, 다중점교차 등이 있다. 본 연구에서는 두 화상에 나타난 입자들 간의 거리가 가장 작은 입자쌍 두 개를 골라서 교차를 한 후 다음 세대의 계산에 사용되도록 하였다.

2.1.4 돌연변이(Mutation)

다양한 염색체들에게 불규칙한 변화를 만드는 인자이다. 원하지 않는 해로부터 탈출하기 위해 유전 알고리즘에서는 자연계의 유전적 돌연변이를 모방한 돌연변이라 불리는 인공적인 메커니즘을 이용한다. 알고리즘 형태로 실현하는 방법으로는 여러 가지가 있지만 단순돌연변이 연산이 널리 사용되어지고 있다. 본 연구에서는 Table 1로 정의되는 염색체중 적합도가 가장 낮은 염색체 두 개를 선별하여 난수를 이용하여 새롭게 발생시킨 염색체와 50%정도 교환하여 다음 세대 계산에 사용되도록 하였다.

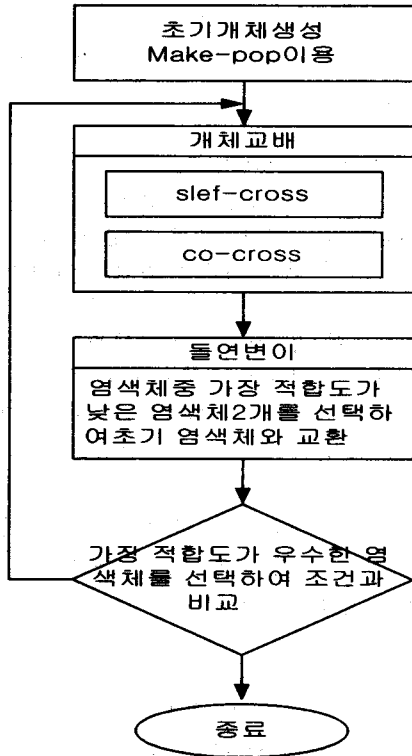


Fig. 1 Procedure for the calculation of GA-PIV

2.1.5 적합도평가(Evaluation)

자연계 생물들은 생존경쟁을 통해 끊임없이 투쟁하며 환경에 적응한다. 이런 적응능력은 유전 알고리즘에서는 개체의 적합도를 평가하는 과정을 통해 반영된다. 매 세대마다 재생산, 교배, 돌연변이 연산을 거쳐 새로운 집단이 완성되면 개체들의 적합도가 평가된다. 최적화 문제에서 적합도 평가는 주어진 문제에서 얻고자 하는 목적을 선택된 목적함수에 기초를 두고 계산되어진다. 본 연구에서 적용되는 최대의 적합도(fitness)의 판정이란 두 화상간(시간차를 가진 제1화상과 제2화상)의 입자들 쌍이 형성하는 거리(d)들의 합의 역수가 가장 큰, 즉 모든 입자쌍들 사이의 거리가 제일 작게 될 경우를 의미한다.

2.2 GA에 의한 PIV

PIV에 GA를 적용함에 있어서 PIV의 조건에 맞추기 위해 본 연구에서는 수정된 GA를 구현하

였다.

GA를 PIV에 적용하는 것이란 추적입자를 투입한 유동장에 대하여 미소시간 간격으로 촬영한 2장의 디지털화상에 나타난 입자상들 간의 이동 거리가 미소한 량이라고 가정하면 2화면간에서의 각 입자간 거리의 총합이 최소가 되는 조합문제를 푸는 것과 동일한 문제이다. 본 연구에서는 제1화상과 제2화상간의 입자개수가 동일하다고 보았다.

GA를 PIV에 응용하기 위해서 먼저, 개체의 생성시 일반적인 GA는 해의 범위와 정확도안에서 오직 난수에 의해 개체가 생성이 되지만 여기서는 계산알고리즘상 데이터량에 따른 계산량이 많기 때문에 중복적인 계산을 피하기 위해서 임의로 염색체를 생성하되 적합도를 먼저 검사하여 적합도가 높은 염색체만을 미리 생산하였다. Fig. 1은 GA에 의한 PIV계측법을 구현하기 위한 계산절차를 보이고 있다.

2.2.1 데이터의 구조

GA의 gene 즉 유전자의 데이터는 odd(x1,y1) 프레임과 even(x2,y2) 프레임의 입자(중심좌표를 구한것)의 좌표를 하나씩 가지며 이 두 입자사이의 거리 $d, (\sqrt{(x1-x2)^2+(y1-y2)^2})$, 의 정보도 가진다.

gene의 집합체인 염색체(chromosome)는 각각 프레임속의 입자의 수만큼의 gene를 가지며 적합도(fitness) F값을 하나 가지게 되는데 여기서 적합도 함수는 odd 프레임과 even 프레임의 입자가 서로 대응된 gene의 거리 d의 총합의 역수로 하였다. 결국 대응되는 입자의 거리가 가장 작은 염색체가 가장 높은 적합도를 가지게 된다. 이러한 염색체 하나는 해의 후보가 될 수 있다. 염색체의 수는 경험적으로 결정한다. 효율적인 계산을 위해 너무 많이 두지 않는 것이 좋다. Table 1은 본 연구에서 적용된 GA의 데이터의 구조를 나타낸다.

2.2.2 강제와류에 대한 GA의 적용

본 연구에서 구현된 GA의 알고리즘을 강제와류(forced vortex)상에 난수로 발생된 입자들에 대하여 추적을 시험하였다. 구체적으로는 먼저 난수를 이용하여 임의의 위치에 입자들을 발생시키고 이를 회전변환에 의해 정해진 각도만큼 회

전시키다. 이때 처음에 난수를 이용하여 발생된 입자들을 화면의 odd 프레임상의 입자, 그 다음 회전에 의하여 입자들의 위치가 결정된 화면은 even 프레임으로 생각할 수 있는데, 이때 처음 시각위치에서의 속도는 회전각도에 의해 이론적으로 알 수 있게 된다. 여기서, GA는 수백개의 입자들의 조합에서 거리의 값이 최소가 되는 최적해를 구하는 문제로 생각할 수 있다.

일반적인 유전알고리즘의 연산이 난수를 이용한 crossover와 mutation인 것과 달리 본 연구에서는 의도된 crossover와 mutation을 이용한다. 먼저 crossover에 앞서 자기 자신의 유전자를 조합함으로써 자신의 적합도를 스스로 발달시키게 한다. 즉 다른 개체와의 교배 없이 자신의 적합도를 높일 수 있다. 이는 일반적인 GA에서 유전자들이 단순한 비트형인 것에 반해 여기서는 유전자가 하나씩 대응되어 있는 순서쌍이므로 가능하게 된다. 구체적으로 설명하자면 자신의 유전자중 적합도가 낮은 유전자 둘을 선택하여 그 선택된 유전자의 even 프레임의 좌표를 서로 바꾸는 것이다.

그 후에 염색체들은 적합도가 낮은 것끼리 서로 자신의 유전자중 거리 값이 큰 것을 교체한다. 그리고 여기서는 돌연변이 연산을 제외하고 매번 종료 조건을 검사하였다. 종료조건으로는 더 이상 적합도의 개선이 일어나지 않는 조건을 검사하여 입자의 개수에 대해 유동적으로 종료 조건을 바꾸었다. 돌연변이 연산에서는 염색체중 가장 적합도가 떨어지는 염색체 2개를 선택하여 완전히 삭제하고 그 자리에 새로운 염색체를 다시 생성하여 넣었다.

Fig. 1에 나타나 있는 각 함수에 대한 구체적 내용은 다음과 같다.

MakePop; 10 개의 개체를 임의로 생성하여 적합도를 비교 후 가장 적합도가 높은 염색체만을 선택한다.

SelfCross; 선택된 유전자중 거리가 가장 큰 유전자 2개를 선택하여 그 둘의 even 프레임의 좌표를 서로 교체한다. 그 후 다시 적합도를 계산하여 교배확율 만큼 유전자에 대하여 반복 실행한다.

CoCross; 교배확율만큼 2개의 유전자를 서로 교체한다.

돌연변이(mutation); 개체중 가장 적합도가 낮

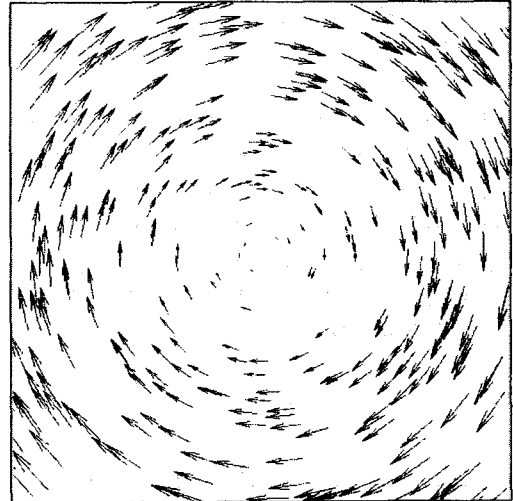


Fig. 2 Obtained velocity vector by GA
(Particle No.=300)

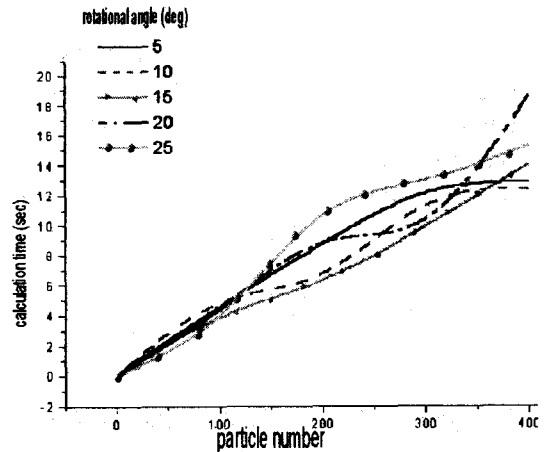


Fig. 3 Particle number vs calculation time

은 개체 2개를 선택하여 MakePop에 의해 생성된 개체와 교체한다.

4. 결과 및 토론

알고리즘의 테스트를 위해서 이상적 강제와류 유동장의 경우에 대하여 프로그램을 실행한 결과 입자의 손실이 없는 영상에서는 500×500 pixel의 영상에서 300개의 입자가 10° 회전시까지

100%의 회복율을 보이면서 속도벡터의 추적이 가능하였다.

Fig. 3은 강제와류의 회전각도에 따른 추적입자의 개수에 대한 본 연구에서 구축한 GA알고리즘의 계산시간과의 관계를 나타내고 있다. 입자의 개수가 증가함에 따라 계산시간이 대체적으로 비례하여 증가함을 알 수 있다. 회전각도가 15° 일 때 전반적으로 계산시간이 적음을 알 수 있는데 이는 유동장의 상태에 따라 최적의 GA알고리즘이 존재함의 함축하고 있다고 볼 수 있다.

5. 결론

유전적 알고리즘에 의한 PIV계측법을 구축하는 과정에서 다음과 같은 결론을 얻었다. 추적입자가 300개 일 때 속도벡터의 추적에 있어서 오류벡터가 없이 100% 회복율을 보였다. 본 연구에서 구축한 GA에 의한 PIV계측법은 입자수가 증가되어도 계측이 가능하다.

앞으로 여러 가지 유동장에 대한 유전적 알고리즘의 입자의 증감에 대한 새로운 목적함수를 도입함으로써 입자수의 증대에도 관계없이 짧은 시간내에 계산이 가능한 알고리즘의 구현이 가능할 뿐만 아니라 3차원 PTV계측법으로의 응용이 가능할 것으로 사료된다.

참고문헌

- (1) Adrian R. J., 1991, "Particle-imaging techniques for experimental fluid mechanics", Ann. Rev. Fluid Mech., Vol.23, pp.261-304.
- (2) 小林敏雄, 吉武庸裕, 1984, 流跡寫眞自動處理システムの開發, 機械學會論文集(B), Vol. 51, No. 466, pp.162-168.
- (3) Doh, D. H., Kobayashi, T., Saga, T., Segawa, S., 1991, Velocity measurement behind a rotating propeller using Particle Imaging Velocimetry, Journal of Flow Visualization, The Visualization Society of Japan, 1991, Vol.11, No.2, pp.267-272.
- (4) 木村, 高森, 井上, 1986, "相關を利用した流れの畫像計測", 流れの可視化, Vol.6, No.22, pp.105-108.
- (5) 도덕희, 최성환, 홍성대, 백태실, 이연원, 1998, PIV에 의한 건축물 실내환기 특성 조사법, 공기조화냉동공학회 동계학술대회논문집 (II), pp.474-481.
- (6) Utami T., Blackwelder R., 1991, "A cross correlation technique for velocity field extraction from particulate visualization", Exp. in Fluids, Vol.10, pp.213-223.
- (7) Goldberg, D. E., 1985, Optimal initial population size for binary-coded genetic Algorithm, TCGA Report No. 85001. University of Alabama.
- (8) 진강규, 하주식, 1997, 최적화기법으로서의 유전알고리즘과 그 응용, 韓國船舶機關學會誌, 제 21권 제2호, pp.108-116.