

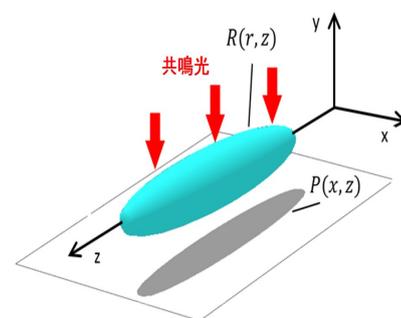
逆アーベル変換を用いた冷却原子の3次元運動量分布の復元

電気通信大学 新世代レーザー研究センター 向山研究室 B4 服部敬太

平成 27 年 3 月 10 日

1 背景と目的

我々の研究室ではレーザー冷却を原子気体を用いて超伝導現象のメカニズムの解明を目標としている。極低温状態での実験系は不純物がなく、粒子の統計性、密度、温度等が可変であり、実験の自由度が高いため、原子物理の紐を解くものとして期待されている。冷却原子系での実験では吸収イメージングが主に用いられていて、我々の研究室でも使用されている。吸収イメージングについて説明する。空間にトラップされた原子集団に対して、原子の共鳴光を1方向から照射する。その吸収率によって変化する透過光を CCD カメラを用いて観測する。得られる吸収イメージによって原子集団の形状や運動量分布、密度分布を直接観測することができる。しかしこの方法には大きな欠点がある。それは得られる吸収イメージは共鳴光を照射した方向に積分されてしまった結果であり、その情報が失われてしまっている。そこで本研究では吸収イメージを逆アーベル変換することによって積分されてしまった情報を復元することを目的とする。



2 原理と方法

アーベル変換は、軸対称な関数 $R(r, z)$ ($r = \sqrt{x^2 + y^2}$) を一方の軸について積分を施す変換で、次で定義される [7]。

$$P(x, z) = \int_{-\infty}^{+\infty} R(r, z) dy \quad (1)$$

$$= 2 \int_x^{+\infty} \frac{rR(r, z)}{(r^2 - x^2)^{1/2}} dr \quad (2)$$

関数 $R(r, z)$ が $1/r$ よりも速く 0 に収束するとき、この逆変換である逆アーベル変換が次の式で与えられる。

$$R(r, z) = \int_r^{+\infty} \frac{1}{(x^2 - r^2)^{1/2}} \frac{\partial P(x, z)}{\partial x} dx \quad (3)$$

光トラップ中の軸対称な密度分布を持つ原子に対して、軸に垂直にイメージングを行うと、得られる画像は元の分布のアーベル変換になる。よって逆アーベル変換を吸収撮像イメージに施すことにより、原子の3次元密度分布を復元することができる。しかし (3) の形では、 $R(r, z)$ の被積分関数の中に微分の形が含まれているので、変換を行うことによって得られる結果はノイズが増幅された形になってしまう。そこで今回は Modified Fourier-Hankel method (MFH) と呼ばれる、(2) のアーベル変換の式をフーリエ変換したものが、もとの密度分布 $R(x, z)$ のハンケル変換となっていることを利用する手法を用いた [1]。

図 1: 原子 ($R(r, z)$) に対して y 軸の負の方向へ共鳴光を当てたときの吸収イメージング ($P(x, z)$)

以下では Modified Fourier-Hankel method(MFH) について述べる。以下のアルゴリズムは $2N + 1$ 個の軸対称離散データ $I(x_i)$ に対して施すものとし、そこから逆アーベル変換された $N + 1$ 個の離散データ $\epsilon(r_i)$ を得る。ただし、 $x_i = i \Delta x (i = -N, \dots, 0, \dots, N)$,
 $r_j = j \Delta r (j = 0, \dots, N)$ とし、 $\Delta x = \Delta r, r_0 = x_0 = 0, r_N = x_N = R$ とする。(図??)

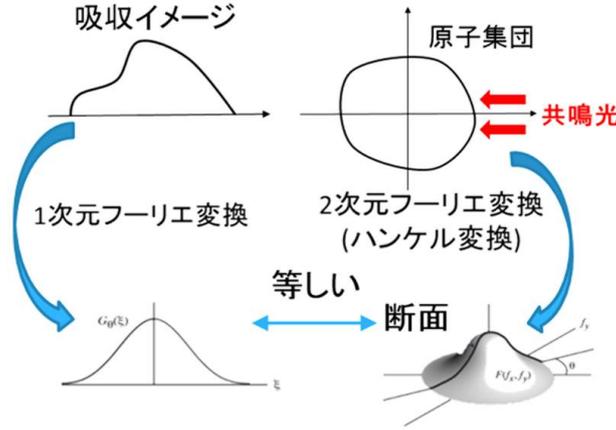


図 2: 物体の投影とフーリエ変換の関係性 [9]

吸収イメージ $P(x, z)$ のフーリエ変換と軸対称にトラップされた原子集団 $R(r, z)$ のハンケル変換は等しいので、

$$FT[P(x, z)] = HT[R(r, z)]2\pi \quad (4)$$

$$R(r, z) = \frac{1}{2\pi} HT^{-1} FT[P(x, z)] \quad (5)$$

(5) をベッセル関数を用いて変形すると

$$R(r, z) = \frac{1}{2\pi} \int_0^\infty FT[P(x, z)] x J_0(r) dx \quad (6)$$

(6) は不連続点を含んでいないので、周波数間隔を、 $\Delta\omega = \alpha\pi/R$ として次のように分割できる。ただし α は周波数間隔を変えるパラメータとする。図 3 より (6) を変形すると

$$\begin{aligned} \epsilon(r_i) &= \frac{1}{2\pi} \sum_{k=0}^N FT[I(\omega_k)] \omega_k J_0(r_j \omega_k) \\ &= \frac{\alpha^2 \pi}{2NR} \sum_{k=0}^{N/\alpha} k J_0\left(\frac{\alpha j k \pi}{N}\right) \sum_{i=-N}^N I(x_i) \cos\left(\frac{\alpha i k \pi}{N}\right) \end{aligned} \quad (7)$$

これが Fourier-Hankel method(FHM) である。特徴として α を低くすることで、細かい周波数間隔で積算されることによって得られるデータのノイズを減らすことができるが復元されたものの再現性は低くなる。また α を調整するとき、 k の値を変えることで、データ点の個数を多く必要とする弱点を改良している。

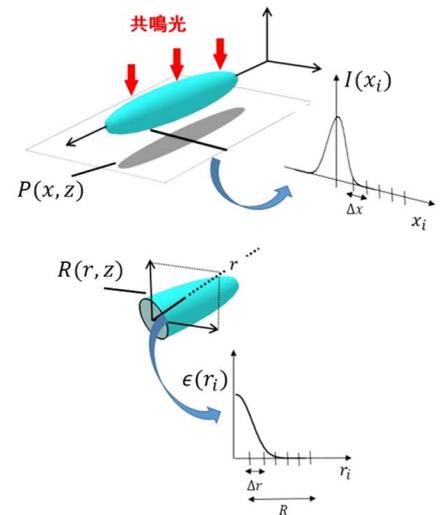


図 3: 用いたスケール

3 結果

まず作成したプログラムが正常に動作することを確認するために、既知であるトーマスフェルミ分布関数を用いた。冷却原子として $T/T_F = 0.05$ のフェルミ縮退した原子を考えた。また原子数を $N = 10^6$ 、それぞれの3次元方向のトラップ周波数を $\omega_z = 2\pi \times 300\text{Hz}$ 、 $\omega_x = 2\pi \times 300\text{Hz}$ 、 $\omega_y = 2\pi \times 20\text{Hz}$ で閉じ込められた系とし仮定した。3次元のトーマスフェルミ分布関数は式 (2.13) で、その1次元データは以下のようになる [2]。

$$n_\sigma(\mathbf{r}) = -\frac{6N_\sigma}{\pi^{3/2}R_xR_y} \left(\frac{T}{T_F}\right)^{3/2} \text{PolyLog} \left[3/2, -\xi \exp\left(-\frac{r^2/R_r^2}{T/T_F}\right) \right] \quad (8)$$

ただし $r^2/R_r^2 = x^2/R_x^2 + y^2/R_y^2$ である。

2次元のトーマスフェルミ分布関数は式 (2.14) で、その1次元データは以下のようになる。

$$n_\sigma(x) = -\frac{6N_\sigma}{\pi^{1/2}R_x} \left(\frac{T}{T_F}\right)^2 \text{PolyLog} \left[2, -\xi \exp\left(-\frac{x^2/R_x^2}{T/T_F}\right) \right] \quad (9)$$

第2章の原理より式 (4.2) の関数に対して逆アーベル変換を行うことにより、式 (4.1) の関数を得られる。図4に式 (4.2) の関数を逆アーベル変換したものと式 (4.1) の関数を比較したものを示す。

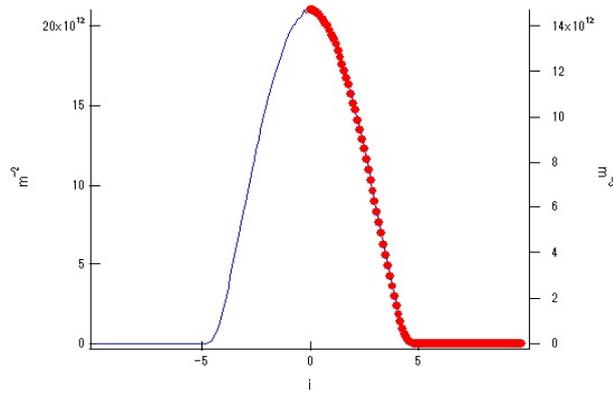


図 4: 式 (4.2) の関数を逆アーベル変換したもの (赤丸)、式 (4.1) の関数 (青線)

図4より逆アーベル変換により関数が一致していることがわかる。よって逆アーベル変換によって2次元密度分布から3次元密度分布に変換されたことが確認できた。(9)の2次元データに対して行うことにより原子集団の3次元密度分布を復元することができる。その概要図を図5に示す。

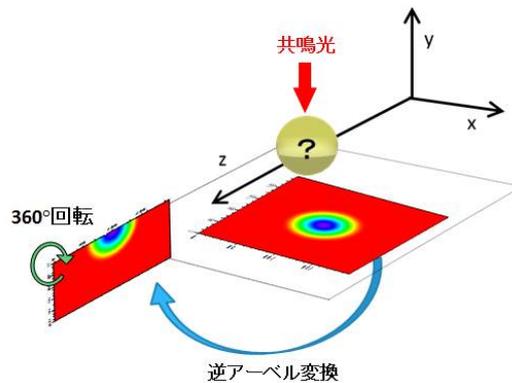


図 5: 結果の概要図

次に実際の実験データにおいて逆アーベル変換を行った。p 波長流動の実現に向けて、p 波フェッシュバツハ共鳴近傍での原子間相互作用について研究を行っており、その結果、共鳴近傍で原子の広がりの変化を観測することができた。その結果を図 6 に示す。図 6 では縦軸は原子集団の広がりをしていて、横軸は 0 を共鳴とした磁場である。しかし、原子集団の広がりの変化が原子のロスの影響によって現れた可能性がある [3]。それを確認するために吸収イメージングで積算されてしまった 3 次元の運動量分布を、逆アーベル変換を用いて復元することによって、確認することが重要とされている。そこで逆アーベル変換のプログラムを用いて図 4.5 のデータを解析することを試みた。図 6 での磁場が 0 におけるデータを用いて変換を行った結果を図 7 に示す。

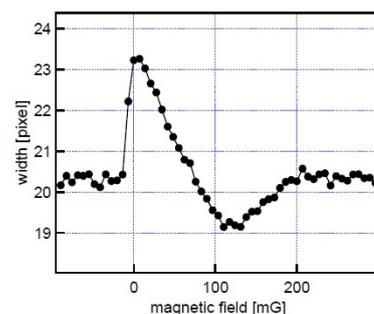


図 6: p 波フェッシュバツハ共鳴近傍での原子の広がり

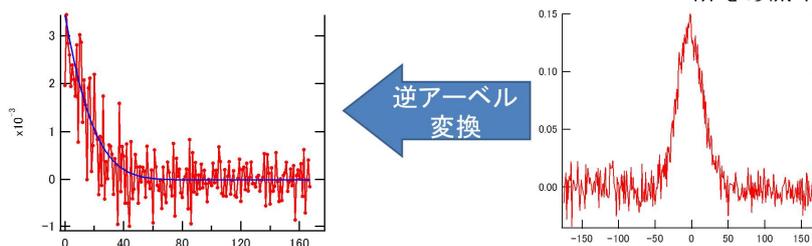


図 7: p 波フェッシュバツハ共鳴近傍のデータに変換を行った結果

図 7 より逆アーベル変換を行うことによってやはり元のデータのノイズが大きく増幅されてしまうことがわかった。この実験データを解析するためにはノイズを減らす必要がある。

4 まとめと今後の展望

逆アーベル変換を動作するプログラムを作成し、変換前と変換後の形が既に分かっている極低温のトーマスフェルミ関数について逆アーベル変換を行い、3次元運動量分布を復元することができた。よって自ら作成したプログラムが正常に動き、関数が正確に変換出来ていることを確認することができた。

次に p 波相互作用の原子の運動量プロファイルについて逆アーベル変換を行った。実際の実験データに対しても自ら作成したプログラムが適応することが確認できて、3次元運動量分布が復元できることを確認することができた。しかし復元された結果はノイズが増幅されたもので、現時点で解析を行うことは難しいことがわかった。そこで今後はこの変換後データのノイズを減らすことが課題である。その具体的な方法としては同じ実験データを複数回とり平均化を行うことで減らすことができると考えられる。ノイズを減らすことによって、この p 波相互作用エネルギーの実験データに対して解析することを考えている。

5 参考文献

[1] M.I. Apostolopoulos a,n, M.I.Taroudakis b,c, D.G.Papazoglou d,e, Application of inverse Abel techniques in inline holographic microscopy, Received 21 July 2012

[2] 稲田安寿 [極低温フェルミオン原子 ${}^6\text{Li}$ における s 波及び p 波対形成](博士論文) (2009)

[3] 中筋拓也 [極低温原子気体リチウムにおける p 波相互作用制御](修士論文)(2012)