

組織認識、組織抽出、2D/3D 解析、組織→特性推定（順解析）、特性→組織推定（逆解析）

AI 搭載材料情報統合システム” MIPHA”

取扱説明書

Materials Genome Integration System for Phase and Property Analysis

（最新版のモジュール、マニュアル、FAQ 集は以下から入手できます）

<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/index.html>

問い合わせ先

MIPHA では、市販ソフトを含む様々なモジュールを使います。各モジュールの見積依頼や、購入、操作方法に関する問い合わせはまずは新興精機に問い合わせください。

下記の全ソフト一式をご希望される場合は、新興精機にまずはお問い合わせください。トータルコーディネートをいたします。

総販売代理店(2019年4月1日以降)

株式会社 新興精機 大阪営業所 池内淳

〒564-0052 大阪府吹田市広芝町7番26号米澤ビル第6江坂301号

TEL 06-6389-6220

FAX 06-6389-6221

携帯電話 080-3959-9814

E-mail ikeuchi@shinkouseiki.co.jp

MIPHA 全般に関する事：

株式会社 中山電機 中山誠

〒575-0003 大阪府四條畷市岡山東2-7-23

TEL: 072-878-3052 FAX: 072-800-5599

E-mail: info@nakayamadenki.co.jp

参考：全自動シリアルセクションング 3D 顕微鏡” Genus_3D” に関する問い合わせも中山電機に問い合わせ下さい。<https://www.youtube.com/watch?v=bzLqkV2Wmg8>

3D 解析ソフト（市販ソフト）に関する事：

Thermo Fisher Scientific 日本エフイー・アイ株式会社

〒140-0002 東京都品川区東品川4-12-2 品川シーサイドウエストタワー1F

TEL：03-3740-0970（ガイダンスの後に3を押してください）

E-mail: FRBOR.sw-info-jp@thermofisher.com

ニューラルネットワークソフト（市販ソフト）に関する事：

SET ソフトウェア株式会社 松下康弘

〒541-0041 大阪府中央区北浜2-5-23 小寺プラザビル6階

TEL 06-6232-3350 FAX 06-6232-3360

TEL（直）：080-6187-5430

E-mail: matsushita-y@setsw.co.jp

使用にあたってのトレーニングの推奨順番

1. 三次元解析ソフト AVIZO/Amira など （習得に必要な日数：約 1 日）
2. ニューラルネットワーク解析ソフト Predict （習得に必要な概算日数：約 1 日）
3. MIPHA （習得に必要な概算日数：約 2 時間）
4. ディープラーニング画像識別ソフト Digits （画像識別を行わない場合は必須ではありません。習得に必要な概算日数：約 2 時間）

統合型材料組織解析ソフト MIPHA¹の利用マニュアル
(最新版のモジュール、マニュアル、FAQ 集は以下から入手できます)
<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/index.html>

目次

[動作保証の PC 環境について](#)

[エディションについて](#)

[インストール](#)

[\(1\) はじめに](#)

[\(2\) 手順](#)

[【事前準備】](#)

[【入力画像の準備】](#)

[【組織識別】](#)

[【画像処理】](#)

[TWS](#)

[識別器の作成](#)

[【画像解析】](#)

[【特性の推定】](#)

[【逆解析】](#)

[演習用模擬シリアルセクションング画像](#)

[さらに高度な解析の実施について](#)

[索引](#)

¹ 足立吉隆, 松下康弘, 上村逸郎, 井上純哉, 機械学習支援の材料情報統合システム, システム制御情報学会誌, 61 巻(No.5), pp.188-193, (2017).

動作保証の PC 環境について

MIPHA は、Windows 7, 8, 10 の 64bit 版のみ動作を保証します。また、Microsoft office がインストールされている必要があります。

* 「組織識別モジュール」のみ別途、別サーバー (OS:Ubuntu) が必要です。

エディション及び事前インストールが必要なソフトウェアについて

MIPHA 使用にあたって、パートナーソフトウェアや準備機器の環境によって MIPHA 機能に制限があります。TWS 画像処理、画像前処理および 2D 画像処理にはフリーソフトウェア Fiji²(ImageJ の一つのバージョン) を使います。ただし、MIPHA には Fiji は含まませんので、その機能をユーザーが必要とするときは事前に脚注のサイト¹からダウンロードし、MIPHA_VB ホルダ内に fiji-win64 ホルダ作成後貼り付けて下さい³。(注意: fiji-win64 フォルダの中に、解凍してできた Fiji.app を貼り付けてください。)Fiji は最新バージョンではなく、必ず脚注で指定するバージョンをインストールしてください。

*Fiji のバージョンによって、異なるバージョンの Fiji で作った前処理マクロおよび識別機が読み込めない場合があります。

また、3D 解析には有償ソフトの AVIZO(ver9.2 以降)、あるいは Amira (ver6.2 以降) —XImagePAQ のインストールが必要です。順解析、逆解析には有償ソフトの Predict のインストールが必要です。

	エディション名 (オプションソフト・機器)	Digits ⁶ 組織識別	TWS ⁴ 画像処理	2D 画像解 析	3D/Avizo ⁵ 画像解析	Predict ⁷ 特性推定	Inverse analysis 逆解析
機能限定版 (MIPHA light)	ライトエディション		✓	✓			
	プラチナエディション (Digits) ⁵	✓	✓	✓			
通常版 (MIPHA)	標準エディション (AVIZO) ⁶		✓	✓	✓		
	プレミアムエディション 1(Predict) ⁷		✓	✓		✓	✓
	【推奨】プレミアムエディション 2 (AVIZO, Predict)		✓	✓	✓	✓	✓
	Pro エディション (Digits/AVIZO/Predict)	✓	✓	✓	✓	✓	✓

² Fiji: <https://downloads.imagej.net/fiji/Life-Line/fiji-win64-20170530.zip>

³ MIPHA は Fiji(ImageJ)が以下の場所にあると想定しています。

C:\¥MIPHA_VB¥fiji-win64¥Fiji.app¥ImageJ-win64.exe

⁴ Trainable Weka Segmentation [http://imagej.net/Trainable Weka Segmentation](http://imagej.net/Trainable_Weka_Segmentation)

⁵ Nvidia <https://developer.nvidia.com/digits>

MIPHA をインストールしている PC に加えて、別サーバー (OS:Ubuntu) が必要です。また、Digits は GPU を使って高速計算しているので、そのサーバーには Geforce などの上位機種が必要です。

⁶ 株式会社マックスネット <http://www.maxnt.co.jp/>

AVIZO(あるいは amira)を快適に動かすためには、Geforce/Quadro などの上位機種の GPU が必要です。

⁷ SET ソフトウェア <http://www.setsw.co.jp/nn/> Microsoft Excel のプラグインとして稼働するので、Excel がインストールされている必要があります。

インストール

- ①ライセンス認証のため、USB ドングルを PC に装着してください（MIPHA light 版はこの作業は不要）。ユーザーは、MIPHA_VB をダウンロード（<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/MIPHA.zip>）して解凍後（パスワード要）、C:直下に起きます。管理者から送られてくる common.ini を MIPHA_VB 配下に置きます。
- ②初回 MIPHA 立ち上げ時のみ、「windows によって PC が保護されました」という画面が出る場合がありますが、その時はその画面中の「詳細情報」をクリックして権利者特権で実行をクリックするとソフトウェアが立ち上がります。二回目以降はこの動作は不要です。
- ③新しい PC の MIPHA から Digits を起動する場合、導入時に¥MIPHA_VB¥Reg1.reg をダブルクリックしてください。これを実行しないと、MIPHA で古いバージョンの Internet Explorer が起動されることになるため、Digit のレイアウトが崩れてしまいます。
- ④画像識別、画像処理 (TWS)、特性推定、逆解析のそれぞれで使うモデルは、予め入手するか、各自で作成しておく必要があります。その際、Digits、TWS あるいは AVIZO/amira、predict といったフリー、市販ソフトの操作に熟練しておく必要があります。
- ⑤本ソフトの画像処理モジュールはコンピュータのメモリを大量に消費します。目安：100 枚の写真（解像度横幅 400pixel）の処理 32GB、200 枚 64GB、推奨：128GB のメモリ搭載。
- ⑥読み込む画像のファイル名は英文字、同じ桁数にして下さい。桁数が同じでないと、3D 再構築時の画像の順番がおかしくなります。一括してフォルダ名、ファイル名を桁数を併せた連番などに rename できるソフトウェアとして、例えば Namery があります。

<https://www.vector.co.jp/download/file/winnt/util/fh478441.html>

例：○ 001, 002, 003... . 099, 100, 101

✕ 1, 2, 3.....99, 100, 101

名前	更新日時	種類	サイズ
analysis	2018/03/02 8:21	ファイル フォルダー	
CharacteristicsPrediction		ファイル フォルダー	
classifier		ファイル フォルダー	
doc		ファイル フォルダー	
fiji-win64	2016/10/26 13:10	ファイル フォルダー	
filter	2017/10/23 18:27	ファイル フォルダー	
ico		ファイル フォルダー	
Inverse analysis	2017/10/23 18:27	ファイル フォルダー	
prediction	2018/06/07 9:00	ファイル フォルダー	
result		ファイル フォルダー	
temp		ファイル フォルダー	
WorkingDir		ファイル フォルダー	
CharacteristicsPrediction.dll		アプリケーション拡張	63 KB
common.ini		テキストファイル	1 KB
Dongle.DLL		アプリケーション拡張	28 KB
ImageScreen.dll		アプリケーション拡張	19 KB
InverseAnalysis.dll		アプリケーション拡張	45 KB
MathNet.Numerics.dll	2018/02/05 15:06	アプリケーション拡張	1,506 KB
MIPHA.exe		アプリケーション	1,144 KB
MIPHA.ini		テキストファイル	1 KB
mozctlx.dll		アプリケーション拡張	11 KB
netDxf.dll		アプリケーション拡張	523 KB
reg1.reg		レジストリファイル	2 KB
setting1.config	2018/02/05 16:04	XML Configuratio...	4 KB

MIPHA とは別にインストール
C:\MIPHA_VB\fiji-win64\Fiji.app\ImageJ-win64.exe

特性推定モジュール (順解析)
(フリー版は不要)

逆解析モジュール
(フリー版は不要)

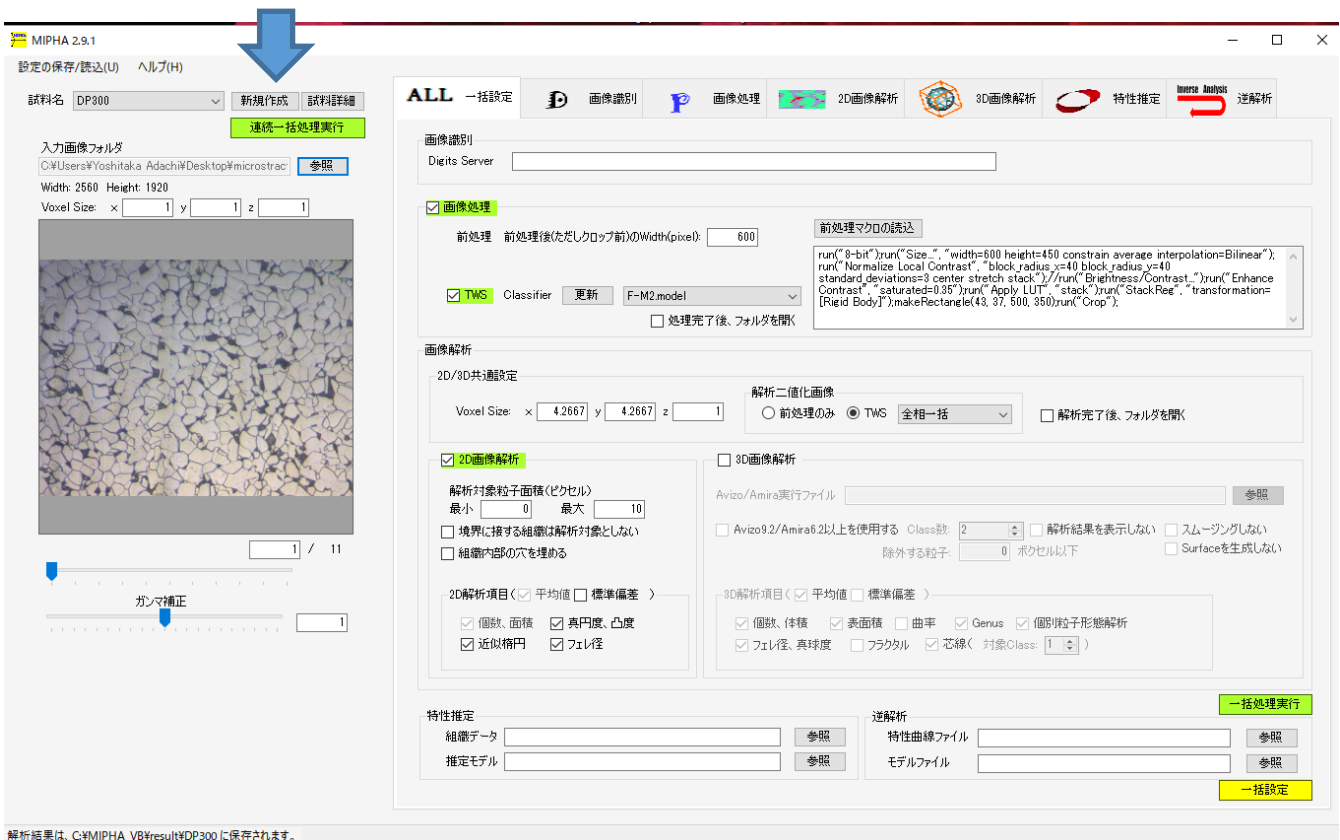
データ保存フォルダ

統計計算ライブラリー
(<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/MathNet.Numerics.dll> よりダウンロードしてください。)

(1) はじめに

Materials Genome Integration System for Phase and Property Analysis (MIPHA)は、機械学習をあらゆる側面で積極的に取り入れて効率的に組織の定量評価および特性の推定を行うための解析ソフトです。以下のことが可能です。

1. ディープラーニングにより組織を識別します。(例：フェライトーパーライト組織)
2. 先端的画像処理(TWS)により特定領域(粒界、第二相など)を自動検出します。
TWS: Trainable Weka Segmentation
3. 組織を定量評価します。(例：【2D】粒径、面積率、真円度、アスペクト比、凸度、【3D】体積、表面積、種数、オイラー標数、貫通した穴の数、内在する空洞の数など)
4. 機械学習により特性を推定します。順解析。
5. 要望する特性あるいは二つの特性バランスを満足する組織因子を提示します。逆解析。



(2) 手順

【事前準備】

- ① 試料情報の入力  **最初に必ず実施して下さい。この処理を実施しないとエラーが発生します。**

上図矢印で示す**新規作成**を選択し試料名入力後、**試料詳細**をクリック。必要に応じて、組成・プロセス条件を入力してください。このメモ機能では必要時は画像ファイルを読み込むことも可能です。この情報は、MIPHA_VB/result/Material フォルダ内に、試料名ごとに保存されます。なお、以降の解析結果も同様にMIPHA_VB/result/に集約されて保存されます。

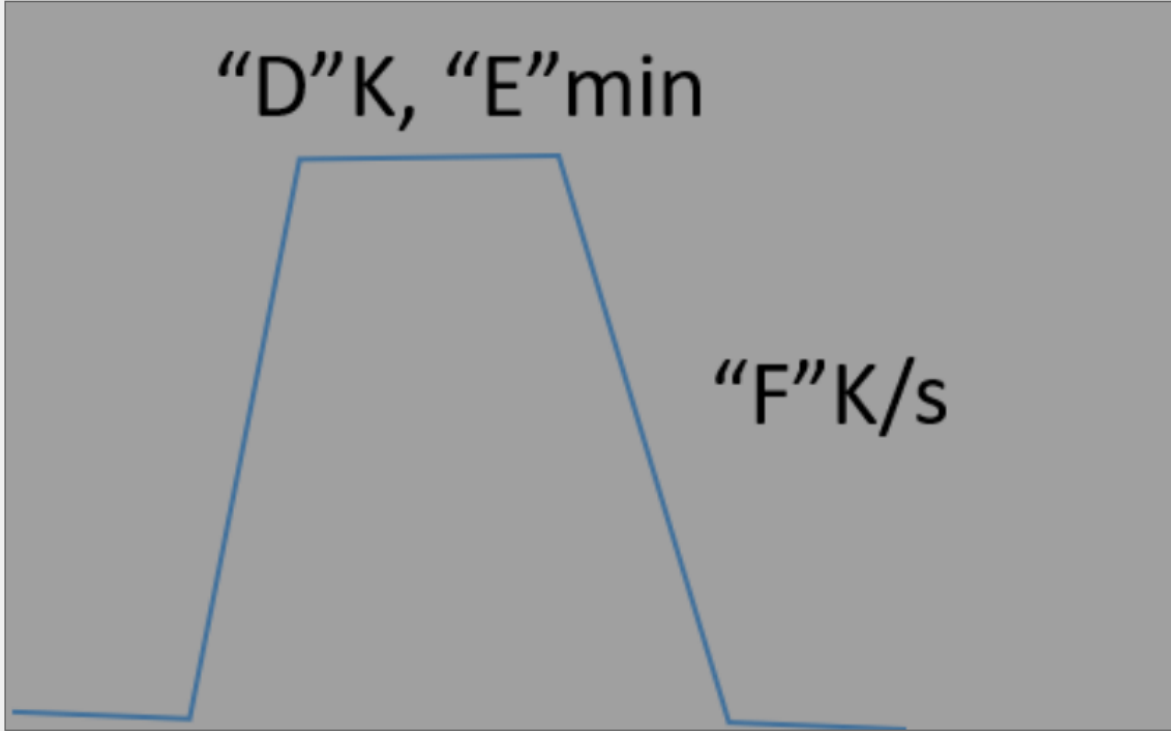
試料名 DP11

試料・プロセス情報

組成・プロセス条件(表)

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
項目	C	Si	Mn	temp1	time1	cooling rate				
数値	0.10	0.2	0.88	1273	10	10				

組成・プロセス条件(図)



その他

鉄鋼インフォマティクス研究会共通試料

OK

②解析対象画像ファイルの事前準備

予め画像はすべて同じサイズに調整しておく必要があります。サイズを揃えるソフトウェアの一例として EasyImageSizer があります。<https://sourceforge.net/projects/easyimagesizer/> 読み込む画像のファイル名は英文字、同じ桁数にして下さい。桁数が同じでないと、3D 再構築時の画像の順番がおかしくなります。一括してフォルダ名、ファイル名を桁数を併せた連番などに rename できるソフトウェアとして、例えば Namery があります。

<https://www.vector.co.jp/download/file/winnt/util/fh478441.html>

よい例 : 001, 002, 003... .099, 100, 101

悪い例 : 1, 2, 3.....99, 100, 101

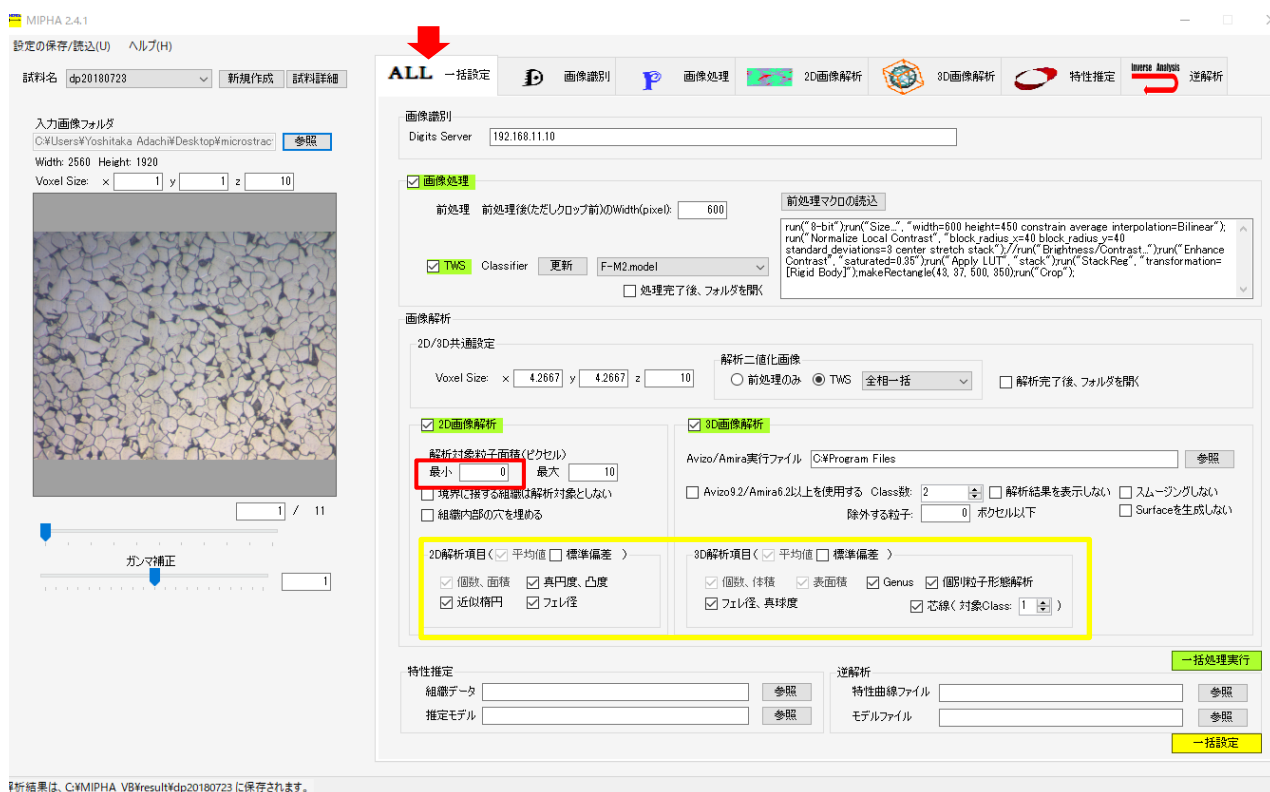
対象とする画像の種類 : jpeg, jpg, bmp, tif, tiff

① 【入力画像の準備】

入力画像が入っているフォルダを選択します（上図赤枠内）。その下段に、画像解像度（voxel size, $\mu\text{m}/\text{pixel}$ ）を入力します。シリアルセクショニング像の場合、Zは平均セクショニング間隔とします。

② **【一括設定】** *本タブでは、以下に述べる③から⑧の入力項目の**一括設定**および④から⑥の**一括自動処理**ができます。以下を一読したのち、本タブで一括処理をすると便利です。設定内容は、左上の「設定の保存/読込」より保存および読込が可能です。2D3D 画像解析項目の選択が可能です（下図黄枠）。画面右上の□をクリックすると全画面化します。

注意：解析対象の粒子数が数万個と非常に多い場合、2D 解析結果の csv ファイルの書き込みに長時間を要し（1, 2時間かかる場合があります）、Allclasses2d.csv を更新する前に 3D 定量解析が始まる場合があります。最終結果の更新時間を参考に、正常に 2d データが更新されているかどうかをご確認ください。この対策としては、「2D 解析対象の粒子面積（ピクセル）の最小」（下図赤枠）にある値（例えば 20）を入力するとこの問題を回避できる場合があります。



③ **【組織識別 (DIGITS[®])】**⁹（初回起動時の注意事項②を参照して下さい）

ここでは、ディープラーニングにより、組織を認識します。例えば、複相組織の一例として、Ferrite-Martensite 組織であることを認識します。本モジュールを使う際には、別サーバへの Digits のインストールが必要です¹⁰。

⁸ Nvidia が作成したディープラーニングのユーザーインターフェース。バックエンドとしては Caffe が稼働します。最新版(2017/6/3 現在)は Digits5 である。

⁹ 参考文献: 足立吉隆, 田口茂樹, 弘川奨悟, ディープラーニングによる組織識別率の検証, 鉄と鋼, 102 巻 12 号, pp.722-729(2016)。

¹⁰ *DIGITS のダウンロード (<https://developer.nvidia.com/digits>) には、ユーザー登録が必要である。また、Linux 上で可能するので、Ubuntu などの OS を搭載したサーバが必要である。更に、大量の計算を行うため、GeForce TitanX などの高性能 GPU が必要である。



(1) DIGITS サーバー（各機関内部に設置が必要）のアドレスを入力します。なお、表示が崩れる場合は、以下を追記します。:34448

例：192.168.2.106 あるいは 192.168.2.106:34448

(2) 起動をクリックすると、別サーバーで動いている DIGITS が立ち上がります。

DIGITS の操作方法については、以下の Nvidia ウェブサイトを参照してください。

<https://developer.nvidia.com/digits>

③ 画像処理¹¹

本モジュールは、画像の前処理と機械学習型画像処理で構成されています。

4.1 【画像の前処理】

1. 8ビット化、サイズ統一、バックグラウンド偏り補正、明るさ補正

画像処理タブ⇒前処理タブで、画像サイズ（基本：横 600pixel、縦アスペクト比を一定に保って自動設定される）の統一、グレースケール 8 ビット化、バックグラウンドの偏り補正、明るさ補正を一括処理するマクロ（ユーザーが任意で作成することが可能）の読み込みを選択（MIPHA_VB/MIPHA_VB/fiji-win64/Fiji.app/macros）します。あるいは、その下のコマンドウィンドウにマクロをペーストしてもよろしいです。

前処理後（ただし、クロップ前）の画像の width(単位 pixel)を入力します（点線枠）。「前処理後の画像を保存する」にチェックを入れて、**処理実行**（赤枠）をクリックします。前処理画像は、試料ごとに、MIPHA_VB/result/" 試料名" /Preprocessed_output フォルダに出力保存されます。

Ubuntu のデフォルトのグラフィックスドライバ nouveau が入っていると、Geforce ドライバをインストールするとログインできなくなるので、ドライバをインストール前に以下に示す手続きで除外処理する必要がある。

```
sudo apt-get install vim
```

```
sudo vim /etc/modprobe.d/blacklist-nouveau.conf
```

vim window で以下を記入

```
blacklist nouveau
```

```
options nouveau modeset=0
```

その後、ESC キーを押して、:ww

```
sudo update-initramfs -u
```

再起動

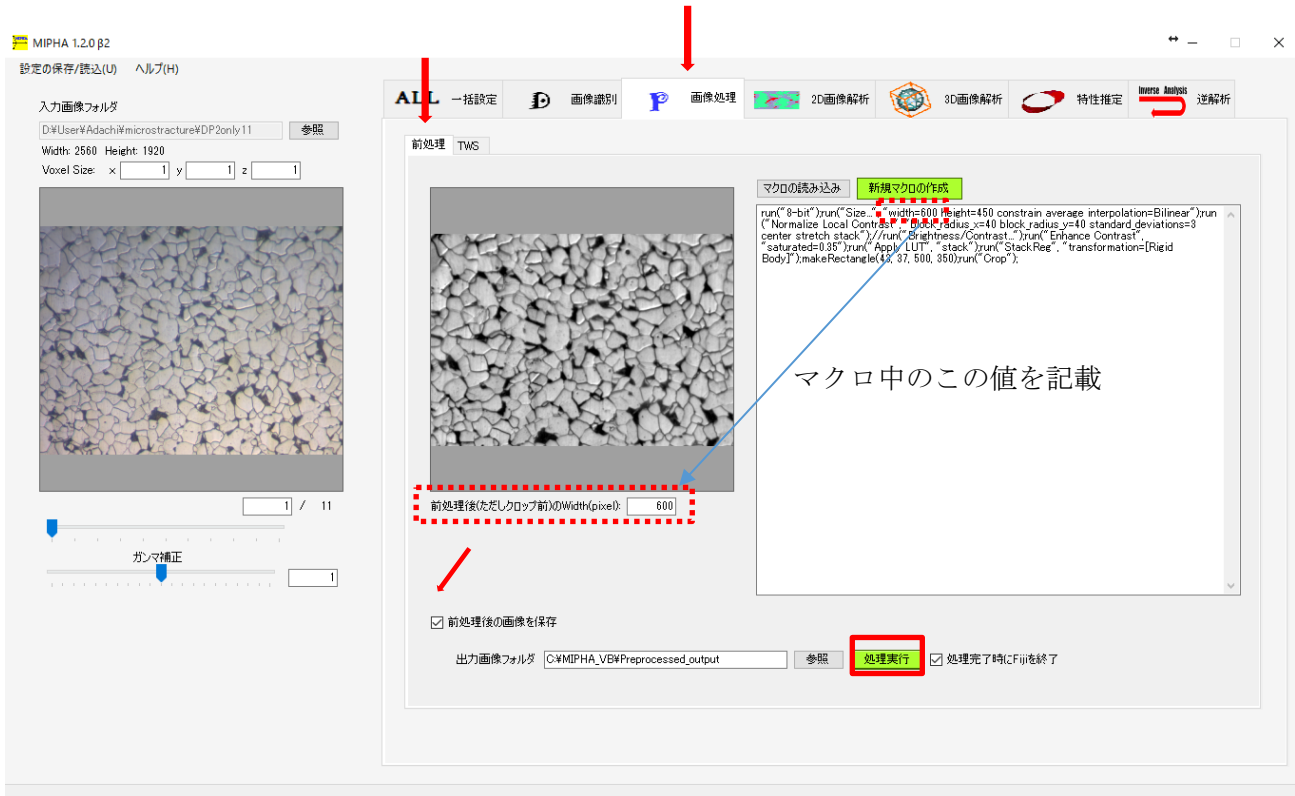
cuda をインストールします（nvidia ドライバもインストールされる）。

¹¹ 田口茂樹, 弘川奨悟, 安田格, 徳田耕平, 足立吉隆, 先進的画像処理による組織検出, 鉄と鋼, 103 巻 3 号, pp.142-148(2017). 足立吉隆, 材料工学における人工知能の活用, 機能材料, 36 巻 9 号, p.40-45(2016).

*Fiji のバージョンによって、異なるバージョンの Fiji で作った前処理マクロおよび識別機が読み込めない場合があります。

前処理マクロ

```
run("8-bit");
run("Size...", "width=600 height=450 constrain interpolation=Bilinear");
run("Normalize Local Contrast", "block_radius_x=40 block_radius_y=40 standard_deviations=3 center stretch stack");
//run("Brightness/Contrast...");
run("Enhance Contrast", "saturated=0.35");
run("Apply LUT", "stack");
```



2. +位置補正、クロップ

シリアルセクションング像については、上記 2. に加えて、位置補正とその後のクロップが必要な場合があります。そのマクロ例を以下に示す。全画像を横幅 600 ピクセル（横幅はアスペクト比一定で自動設定）に統一後、位置補正をかけ、その中心部分(500*300 ピクセル)より領域をクロップし、その画像を保存します。

```
run("8-bit");
run("Size...", "width=600 height=450 constrain average interpolation=Bilinear");
run("Normalize Local Contrast", "block_radius_x=40 block_radius_y=40 standard_deviations=3 center stretch stack");
//run("Brightness/Contrast...");
run("Enhance Contrast", "saturated=0.35");
run("Apply LUT", "stack");
run("StackReg", "transformation=[Rigid Body]");
```

```
makeRectangle(53, 39, 500, 350);
run("Crop");
run("Image Sequence...", "format=TIFF name=alignedfiltered
save=C:\Users\*****\Desktop\MIPHA_VB\MIPHA_VB\Filtered\alignedfiltered0000.tif");
```

前処理マクロの作成（必要時のみ、新規マクロの作成をクリック）

MIPHA 画像処理タブ内の前処理タブで「新規マクロの作成」をクリックします。Fiji のマクロ処理画面が立ち上がる。同時に対象画像（スタックでも可）も開かれています。

(1) 実行する前処理をすでに立ち上がっている record 機能を使って以下のように記録していきます。

- Image→Type→8bit
- Image→adjust→size Width に入力し、Constrain aspect ratio にチェックを入れます。Average when downsizing は off.
- Plugin→Integral image filter——>Normalize local contrast（デフォルト設定）で OK.
- Image→adjust→Brightness/contrast で、Auto をクリック後、Apply（忘れないこと）。Stack 画像の時は複数枚に適用するのか聞かれるので Yes.

(2) Macro の recorder で Create をクリックすると実行マクロが作成されます。なお、Stack 画像数は場合によって変わることが考えられるので、以下のように変更してから、Save します。

変更前（7 枚の画像の場合）:

```
run("Size...", "width=600 height=453 depth=7 constrain interpolation=Bilinear");
```

変更後（depth=7 を削除します）

```
run("Size...", "width=600 height=453 constrain interpolation=Bilinear");
```

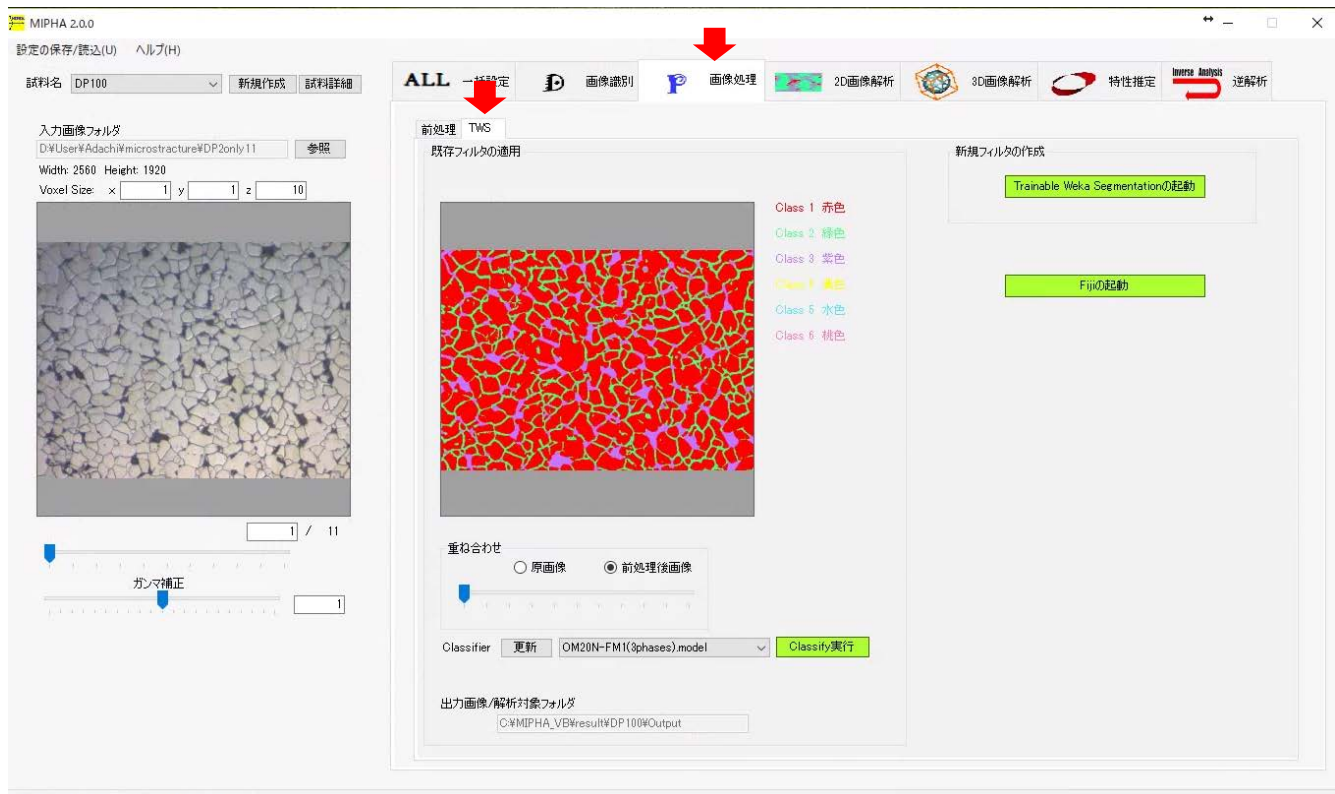
上記保存した macro のテキストファイルを開いて内容をコピーし、MIPHA のマクロ記述ウィンドウにペーストします。あるいは、save as より、以下のフォルダに作ったマクロを保存します。拡張子は、.txt とします。

```
C:\MIPHA_VB\fiji-win64\Fiji.app\macros
```

4.2 【画像処理】

TWS

画像処理 (TWS) タブで、予め作成しておいた識別機 (classifier) を用途に応じて選択します (MIPHA_VB/MIPHA_VB/classifier)。サンプルであらかじめ設定している識別機の説明は脚注¹²を参照してください。その後、**classify 実行** をクリックします。Fiji が立ち上がり、Trainable Weka Segmentation による画像処理が全対象組織に対して一括して開始します。前処理を設定した場合は、前処理を実施後画像処理が行われます¹³。画像処理像と前処理像あるいは原像を重ね合わせ表示して画像処理状況を確認する場合は、重ね合わせバーをスライドします。処理画像は、試料ごとに、MIPHA_VB/result/" 試料名" /Output フォルダに出力保存されます。



*Fiji のバージョンによって、異なるバージョンの Fiji で作った前処理マクロおよび識別機が読み込めない場合があります。

識別機の作成 (必要時のみ)

¹² TWS 識別機名の説明 (これは一例であり、任意設定可能)

顕微鏡 倍率 エッチング液 構成組織

①OM20N-FPWFDP

光学顕微鏡 対物レンズ 20 倍 ナイタール フェライト パーライト ウッドマンシュテッテンフェライト 疑似パーライト

②OM2020P-FM

光学顕微鏡 対物レンズ 20 倍 ピクリン酸 フェライト マルテンサイト

③SEM1000-C

SEM 1000 倍 セメントイト


¹³ 「前処理後の画像を保存、表示するにチェック」を入れているかどうかによらず、前処理を施してから画像処理が行われる。ただし、前処理の実施をクリックしていないと、前処理像は保存されないので注意すること。

(1)MIPHA より、「Trainable Weka segmentation も起動」をクリックします。この際、原画像にマクロで実行した前処理が施された画像に対して画像処理が行われます¹⁴。

(2)Setting を開くと、Train features(Filter)がすべてチェックされている¹⁵ことを確認し、下部にある Class1, Class2 に該当する組織名(Ferrite など)を入力します。OK。

(3)識別対象の組織が3つ以上ある場合は、Create new class をクリックすると Class が追加される。鉄鋼材料の場合は、一例として以下のように設定します。

Class1: Ferrite, Class2: Pearlite, Class3: Widmanstatten ferrite, Calss4: Degenerate pearlite, Calss5: Bainite, Class6: Martensite

(4)Fiji メインバーより、自由線描写を選択し、注目する組織に描き、Add to Class1 をクリックします。複数の組織に対してそれを繰り返す(例えば、各組織5か所ずつ)。

(5)Trainclassifier をクリックして、各組織の特徴をコンピュータに認識させる。しばらく待っていると、認識結果が組織上に重ね書きで表示されます。認識結果の上書きは Toggle overlay で ON/OFF ができます。抽出結果が不十分であれば、追加で(4)を実行します。抽出結果が満足するものになると、Save classifier をクリックして、識別機を MIPHA_VB/classifier フォルダに保存します(拡張子は、.model とします)。これで、新しい識別機(classifier)が MIPHA より選択可能となる。識別機名に class 数を書いておくと、3D 解析で class 数を入力する際に便利です。例: F-M(2).model, F-M(3).model

⑤【画像解析】¹⁶

5.1 2D 解析

Voxel Size($\mu\text{m}/\text{pixel}$) (3D 解析の Voxel size と同期している)を入力してから、解析二値化画像のところで TWS を選択し、全相一括を選択(各相を個別に評価する際には、プルダウンメニューより各相を選択)。その後、解析実行をクリックします。識別機作成の折に設定した順で各相(各組織=class1, 2, 3... (最大 class 数は 6))の解析結果が表示されます。表示される上段は孤立した個々の領域の解析結果、下段はその総数(Count, Total area)あるいは平均値(それ以外の項目)(各組織の特徴値を知りたいときは下段の結果を使用します)です。上の表の結果は CSV 出力をクリックすると表示できます。下側の表の結果は CSV 形式で自動保存されます((各層・各相ごと) ResultSum2d.csv、(総計) AllClasses2d.csv)。右端の赤枠で示す項目の設定の有無によって解析結果が変わるので留意してください。2D 解析対象の粒子サイズの範囲を指定できます。2D の主な評価特徴値は以下の通りです

(解析項目は上図の黄枠で囲んだ設定が反映されます)。

2D 粒子数

2D 面積

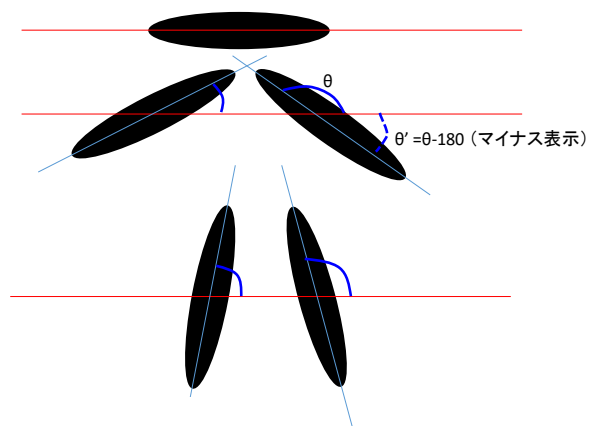
2D 面積率

2D 真円度

2D 凸度

2D 楕円体近似した長軸、短軸長、角度(角度は水平方向からの逆時計回りの角度 0-180° 表示)

2D フェレ径(最大・最小長、角度)(角度は水平方向からの逆時計回りの角度 0-180° 表示)



¹⁴ Fiji を単独で起動した場合、前処理マクロは原画像に適用されないの、注意してください。

¹⁵ Fiji を単独で起動した場合、一部のフィルタのみチェックが入っている状態なので、注意してください。

¹⁶ 足立吉隆, コンピューター支援 3D 計量形態学, 軽金属, Vol.61, pp.78-84 (2011).

オプションで、森下の I_s 指数による 2D 粒子の局在程度評価が可能です。以下の[圧縮ファイル](#)をダウンロードすればご利用いただけます。

二次元での一つの粒子の平均面積は $Total\ area/Count$ であり、円換算の粒径 d にするときは $d = 2\sqrt{\text{平均面積}/\pi}$ 。AR: アスペクト比, Round: アスペクト比の逆数, Circ.: 真円度 ($= 4\pi A/\text{周長}^2$), Solidity: 凸度 (=対象組織の面積/凸線だけでその領域を囲った面積)。

2D 解析結果は、試料ごとに、MIPHA_VB/result/" 試料名" /Analysis フォルダの AllClasses2d.csv に平均情報が、ResultSum2d.csv に各層・各相の粒子の解析結果が保存されています。個別粒子の解析結果は上側表下にある CSV 出力をクリックすると得ることができます。

2D解析結果 (平均)出力フォルダ: C:\MIPHA_VB\result\Ndp20180729\Analysis

2D解析結果 (平均)出力フォルダ: C:\MIPHA_VB\result\Ndp20180729\Analysis

2D解析が終了しました。

5.2 3D 解析（標準エディション以上の機能です）

Avizo あるいは Amira（いずれも有償ソフト）がインストールされていれば、上述した前処理・画像処理画像を使って、3D 表示、3D 定量解析が可能です。

Avizo/Amira の実行ファイル（default 設定では、
C:\Program Files\Avizo-9.1.1\bin\arch-Win64VC12-Optimize\Avizo.exe）

のパスを参照から選択し、解析対象（解析二値化画像）を前処理、TWS から選択します。解像度 Voxel size（2D 解析と同期しています）が未入力の場合は入力し、その上で、**解析実行**をクリックすると 3D 像が表示され、定量解析結果が自動表示されます。なお、オプションとして、Avizo9.2/Amira6.2 以上使用の場合はチェックを入れます。さらにオプションの「スムージングしない」、「解析結果の表示」、「surface を生成しない」を状況に応じて選択します。ノイズ処理をしたい場合（次ページ参照）は閾値（ボクセル単位）を入力します。実組織を対象とした場合、このノイズ処理が解析結果に大きく影響するので、設定は重要です。

分岐点解析が可能です。以下のように芯線処理と分岐点解析の二段階の処理となります。

(1) 3D 画像解析タブまたは一括設定の芯線出力にチェックを入れ、分岐点解析対象 Class の番号を指定し、解析実行ボタンを押下します。

(2) result<試料名>\sekeleton 配下に、芯線データ (Spatial Graph) が出力されます。

その後の、分岐点解析は次ページに後述します。



2D, 3D 解析結果は、試料ごとに、MIPHA_VB/result/" 試料名" /Analysis フォルダの AllClasses2d3d.csv に一括して集約され保存されています。解析項目は上図の黄枠で囲んだ設定が選択されます。平均曲率、ガウス曲率の解析結果は Analysis フォルダに Class1. Curvature.csv のファイル名で保存されます。1 列目から、三角形の番号、三角形の面積、平均曲率、ガウス曲率の順番です。

現在(2018年9月18日)、AllClasses2d3d.csv

で一覧表示される項目は以下のとおりです。

- 2D Count (2Dでの粒子数(シリアルセクション像の場合はその総数))
- 2D 面積 (2Dでの面積(同上))
- 2D %Area (面積率(シリアルセクション像の場合はその平均値))
- 2D Circ. (真球度平均値(同上))
- 2D Solidity (凸度(同上))
- 2D 楕円体フィットによる長軸長、短軸長、水平方向からの長軸の角度の平均値と標準偏差
- 2D フェレ径、フェレ最小径、角度の平均値と標準偏差
- 3D Count (粒子数)
- 3D Volume (体積)
- 3D Area (表面積 蓋・側面の面積を含まず)
- 3D ガウス・平均曲率([Rコードで書いたプログラム](#)で簡単にグラフ表示が可能です。表面蓋なし状態の曲率評価。)
- 3D Genus (種数)¹⁷
- 3D Euler-Poincare (オイラー標数 χ (surface) (表面のオイラー標数、表面の蓋あり Border:ON))
- 3D 貫通する第二相粒子(母相の tunnel に対応) *表面の蓋なしの場合 (Border :off) の $\chi_2=0$ の第二相に対応
- 3D 内在する第二相粒子 (母相の void に対応) * $\chi_2=2$ の第二相に対応
- 3D 内在する第二相粒子でその中に母相粒子が孤立して存在している粒子 * $\chi_2=4$

表 評価項目

	Avizo9 以降または Amira6 以降 +XImagePAQ	Avizo8 以前または Amira6 のみ
2D Count	☑	☑
2D 面積	☑	☑
2D %Area	☑	☑
2D Circ.	☑	☑
2D Solidity	☑	☑
2D 長	☑	☑
2D フェレ径	☑	☑
3D Count	☑	☑
3D Volume	☑	☑
3D Area	☑	☑
3D ガウス・平均曲率	☑	☑
3D Genus	☑	☑
3D Euler-Poincare	☑	☑
3D 貫通する第二相粒子	☑	☑
3D 内在する第二相粒子	☑	☑
3D 内在する第二相粒子でその中に母相粒子が孤立して存在している粒子	☑	☑
3D フェレ径 (長軸、幅、短軸 (厚))	☑	
3D 真球度	☑	
3D フラクタル次元	☑	
3D 分岐点数	☑	☑

¹⁷ オイラー標数、ガウス曲率の全積分値(K_{total})、種数(g)の関係は以下で与えられる。

$$g = 1 - \frac{K_{total}}{4\pi} = \frac{2 - \chi(surface)}{2} = 1 - \chi(solid)$$

g は中身の詰まった物体を貫通した領域(トンネルあるいはハンドルと呼ばれる)の数 h と、独立した閉じた空間(ボイド)の数 v 、独立した対象物の数 b を使って、次式*でも与えられる。(*この関係式は、tunnel や void 中に母相が孤立して存在するなど複雑な場合は適用できないことに注意)

$$g = t - (v + b) + 1$$

の第二相に対応

- 3D フェレ径 (Length3D)、フェレ最小径 (Width3D)、フェレ幅 (Breadth3D)¹⁸とその水平方向からの角度の平均値と標準偏差 注意: Avizo9以降またはAmira6以降+XImagePAQが必要となります。
- 3D フラクタル次元
- 3D 真球度 (sphericity = $(\frac{\text{area} \cdot 3d^3}{36 \cdot \pi \cdot \text{volume} \cdot 3d^2})^{-1/3}$) 注意: Avizo9以降またはAmira6以降+XImagePAQが必要となります。
- 3D 分岐点数 (以下の追加処理が必要です。ただし一括設定タブでは分岐点解析機能も全自動解析されず(2019/2/21New!。))
 - (1) 3D画像解析タブまたは一括設定の芯線出力にチェックを入れ、分岐点解析対象 Class の番号を指定し、解析実行ボタンを押下します。
 - (2) result¥<試料名>¥sekeleton 配下に、芯線データ (Spatial Graph) が出力されます。※以下の操作は、3D画像解析タブのみで可能です。
 - (3) 分岐点解析の Spatial Graph ファイルの参照ボタンを押下し、手順 (2) で生成した、SpatialGraph_ClassN.am を指定します。
 - (4) 近接した3分岐同士を統合する場合は、分岐点統合距離を指定します。
 - (5) 分岐点解析実行ボタンを押下すると、Analysis フォルダ配下に以下のファイルが生成されます。
AllClasses2d3d.branch.csv ◀分岐点評価結果が他の評価結果と統合された全結果を示すファイルです。

¹⁸ 3D 最大フェレ径 (Length3D)、3D 最小フェレ径 (Width3D) は、ある方向 (MIPHA はデフォルトの 31 方向) から 2D 像に投影し、すべての投影像で計測した 2D フェレ径の集計からの最大径、最小径を、3D フェレ径の最大値、最小値としています。計測方向多い方が正確な長軸径となりますので、設定では 350 としています。Breadth3D は、3D 最大フェレ径の軸に直行する平面上の最大径 (小判の幅の長さに近似) で、小判形状の場合は幅に相当します。

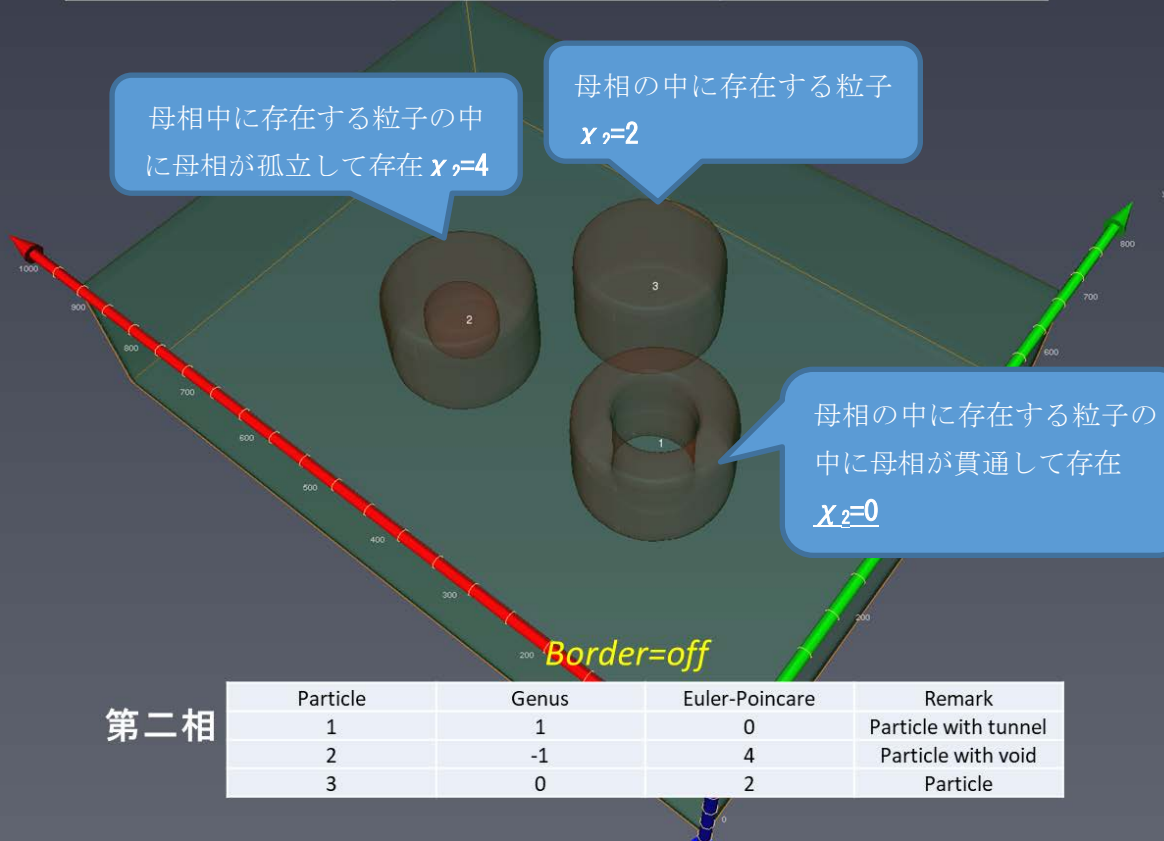
<i>Border=ON</i>	Genus	Total Euler-Poincare number
1 st phase	-3	8
2 nd phase	-2	6

全体

母相中に存在する粒子の中に母相が孤立して存在 $\chi_2=4$

母相の中に存在する粒子 $\chi_2=2$

母相の中に存在する粒子の中に母相が貫通して存在 $\chi_2=0$



第二相

Particle	Genus	Euler-Poincare	Remark
1	1	0	Particle with tunnel
2	-1	4	Particle with void
3	0	2	Particle

2nd matrix

Class	2D Count	2D Area	2D %Areaの 平均値	2D Circの平均 値	2D Solidityの 平均値	3D Count	3D Volume	3D Surface Area	3D Genus	3D Euler- Poincare	Euler標数0の 個数	Euler標数2の 個数
Class1	37	21771072	2.4226154	0.9269231	0.9649231	8	20309760	711748	-7	16	4	3
Class2	13	8767889.1	97.577154	0.7532308	0.9757692	1	159402240	711761	1	0	0	0

$$\begin{aligned}
 \text{母相の種数} \\
 \text{genus}_M &= \text{tunnel}_M - (\text{void}_M + \text{body}_M) + 1 \\
 &= (\text{No. 2nd phase with } \chi_2 = 0) - ((\text{No. 2nd phase with } \chi_2 = 2) + \text{body}_M) + 1 \\
 &= 4 - (3 + 1) + 1 = 1
 \end{aligned}$$

種数、オイラー標数、貫通する穴の数、内在する空洞の数に関するその他の解析例をFAQ集に挙げていますので、参考にして下さい。

<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/FAQ.htm>

また、不鮮明な粒界を有する結晶粒組織の3D解析、分岐点解析については以下のFAQ集を参考にして下さい。

<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/FAQ.htm>

3Dノイズ処理機能

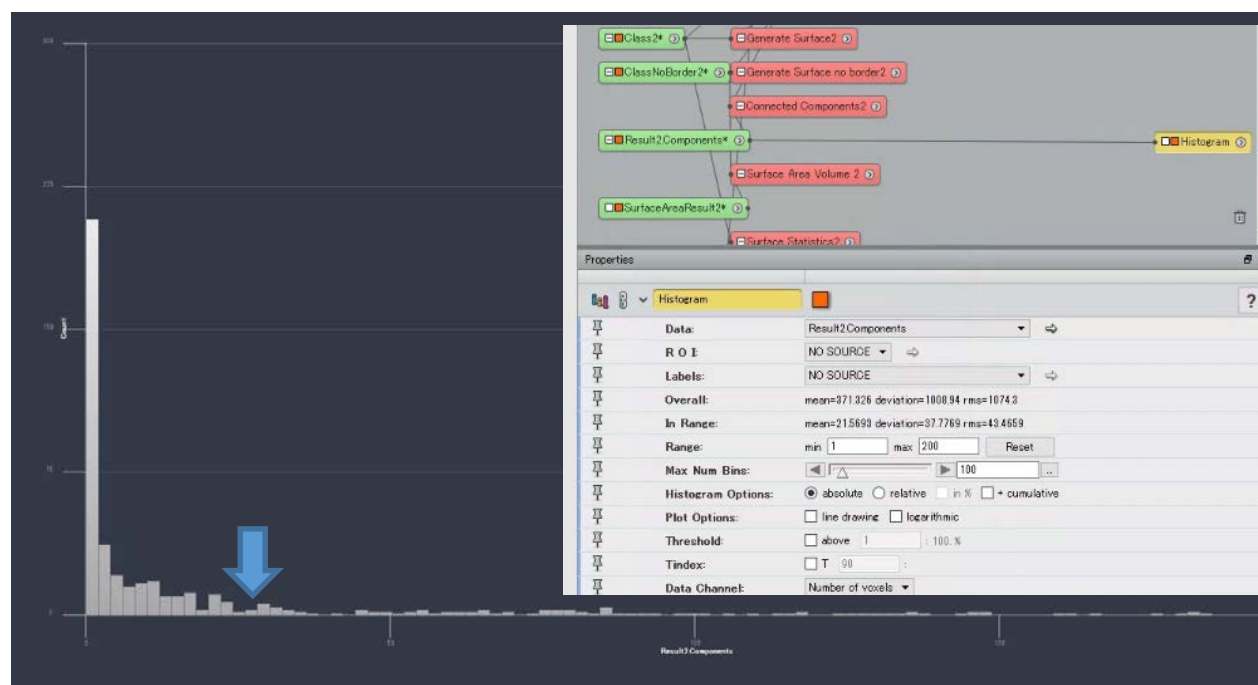
任意のボクセル閾値以下の粒子を相を問わず一括して画像から除去し、解析結果にも反映します。3Dノイズ処理機能と前述の2Dノイズ処理はそれぞれ独立しており、相互干渉はしません。

【ノイズ対象とするサイズの決定方法】Amira6.3の場合

はじめの組織の時は、“除去する粒子サイズ”を“ゼロ”と設定し、同時に「スムージングしない」にチェックを入れて、3D像を構築します。Amiraを見ると解析フローに各粒子のサイズ一覧を示す各相ごとの connected component → Result Components ができているのを確認し、Result Components を右クリックして Measurement And Analyze を選択し、その中にある histogram を選択します。その中の設定で Range を例えば min 1, max 200 と入力し、Max Num Bins (分割数) を例えば 100 と入力します。Plot Options のチェックはすべて外す。Data Channel から Number of Voxel を選択すると、以下のようなヒストグラムが表示されます。

母相や第二相の更なる高度な解析法（粒子分離など）は下記の FAQ 集を参照してください。

<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/FAQ.htm>

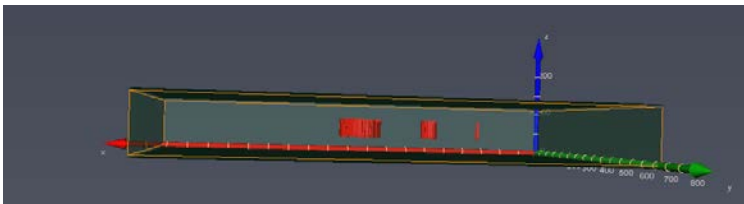


このヒストグラムより、例えば急激に小さな粒子数が増える臨界粒子サイズを決定し、その臨界サイズを“除去する粒子サイズ”として入力します（あくまで一例であり、実際の判断は利用者に任される）。上記例の場合、30voxel 程度（3×3×3 ピクセル程度）を除去するノイズサイズと決定します。

【ノイズ対象とするサイズの決定方法】Avizo7.0の場合

はじめの組織の時は、“除去する粒子サイズ”を“ゼロ”と設定し、同時に「スムージングしない」にチェックを入れて、3D像を構築します。Avizoを見ると解析フローに各粒子のサイズ一覧を示す各相の connected component → Result Components ができているのを確認し、Result Components を右クリックして data save as を選択し、csv ファイルとして各粒子のサイズ情報を保存します。その csv データを Excel で読み込み、Excel のデータ/ヒストグラム機能を使って、Number of Voxel のヒストグラムを表示します。（以下の図面のノイズ処理(3/3)中のヒストグラムを参照してください）

ノイズ処理方法(1/3)

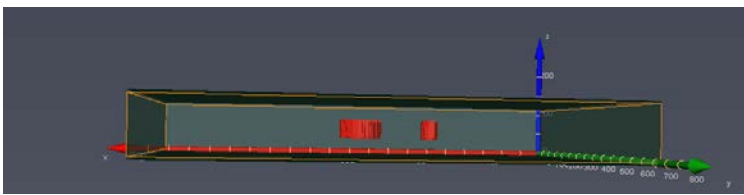


注意: スムージング処理off

スムージング処理をonにすると、小さな粒子は画像からは除去され、Genusなどの値に影響する。

Class	3D Count	3D Volume	3D Surface Area	3D Genus	3D Euler-Poincare
Class1	3	358604.544	36618.699	-2	6
Class2	1	82585344	36618.699	-3	8

Index	Material	Number of	Volume	CenterX	CenterY	CenterZ	BBoxCent	BBoxCent	BBoxCent	SeedI	SeedJ	SeedK
1		12156	311193.6	508.8	315.2	50	510.4	316.8	55	314	164	4
1		1804	46182.4	355.2	315.2	50	356	316	55	221	185	4
1		48	1228.8	243.2	312	50	244	312.8	55	152	194	4



* ノイズ処理機能 50ボクセル以下は除去 上記表の48ボクセルの粒子が画像、リストからも除去されている。詳細は次の図面を参照。

Class	3D Count	3D Volume	3D Surface Area	3D Genus	3D Euler-Poincare
Class1	2	357376	35768.398	-1	4
Class2	1	82586624	35768.398	-2	6

Index	Material	Number of	Volume	CenterX	CenterY	CenterZ	BBoxCent	BBoxCent	BBoxCent	SeedI	SeedJ	SeedK
1		12156	311193.6	508.8	315.2	50	510.4	316.8	55	314	164	4
1		1804	46182.4	355.2	315.2	50	356	316	55	221	185	4

ノイズ処理方法(2/3)

小さな相を除去したときに、周囲の相に置換処理をしている。

Islands Filter ? X

Islands are connected regions smaller than voxels.

This Filter removes **one-neighbor** islands from the label field. (case #1, #3)
2018/6/27 よりデフォルト設定で☑となりました。

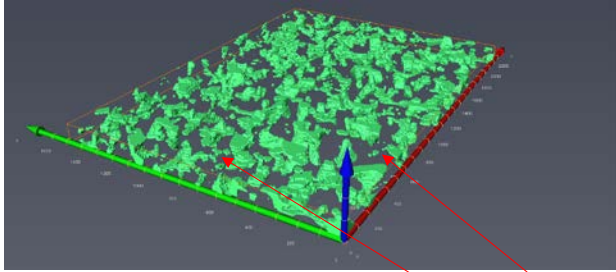
Also merge **n-neighbor** islands with the neighbor sharing the largest border if this border exceeds % of the perimeter (case #2,#4).

Maximum size=4, Minimum shared border = 50% of the perimeter

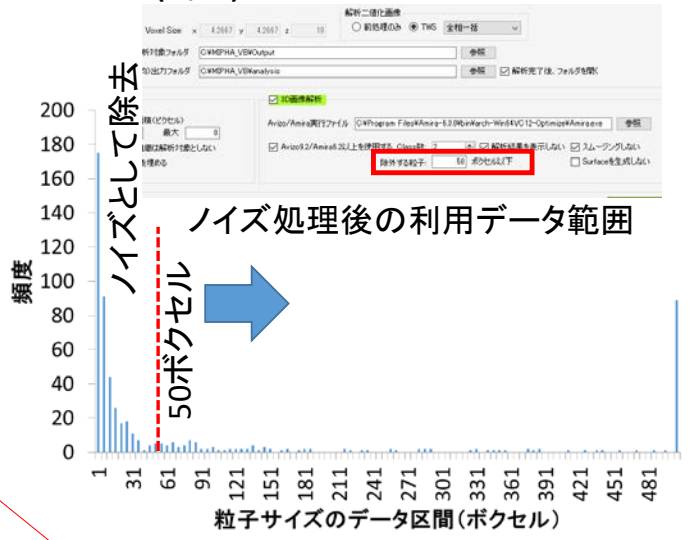
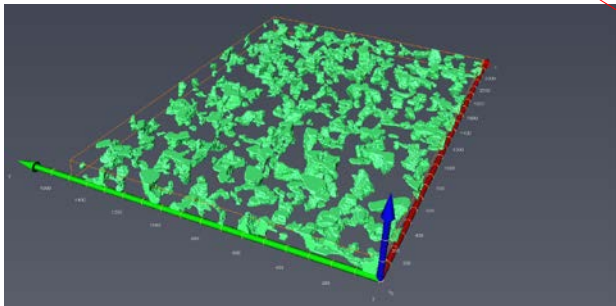
Apply to: Current slice All slices 3D volume

ノイズ処理方法(3/3)

例: DP鋼中のマルテンサイト相



ノイズ除去

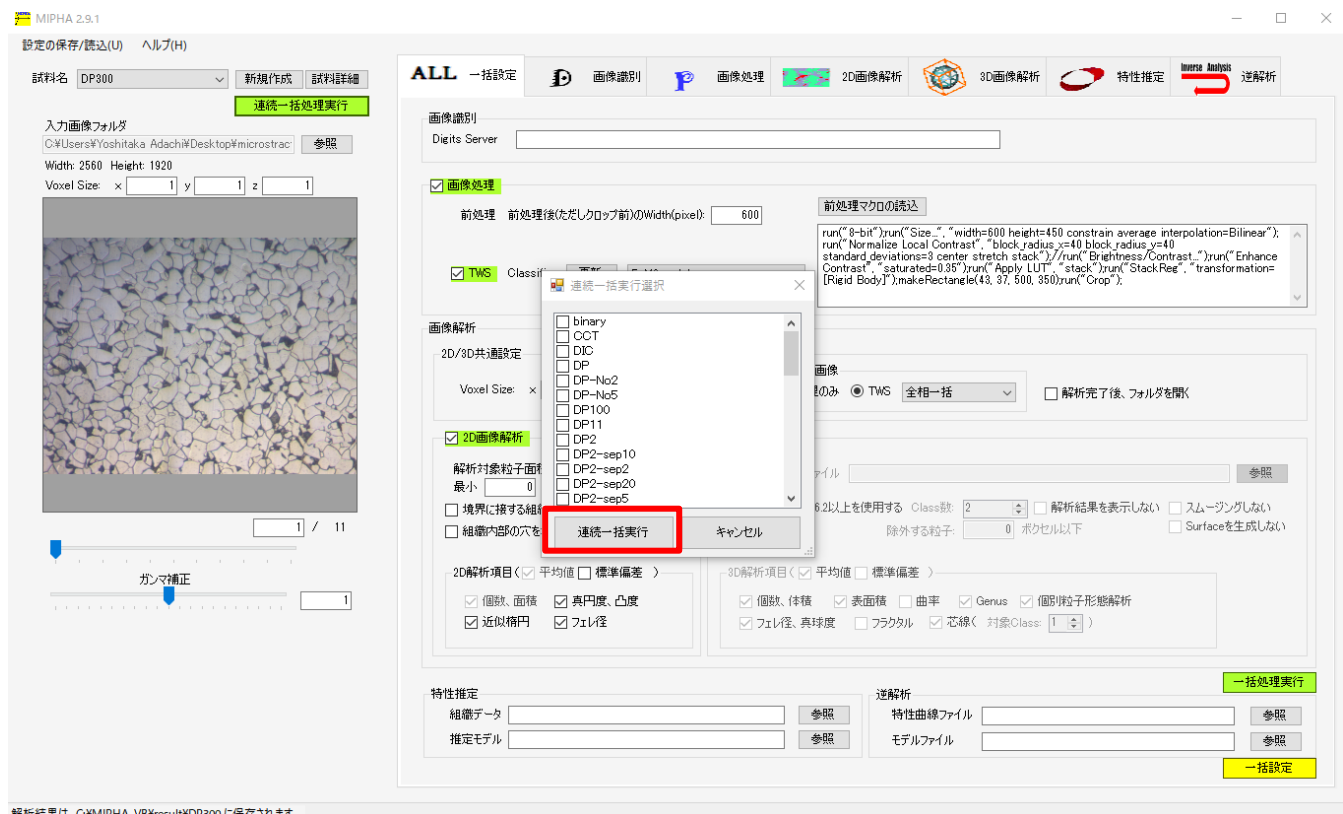
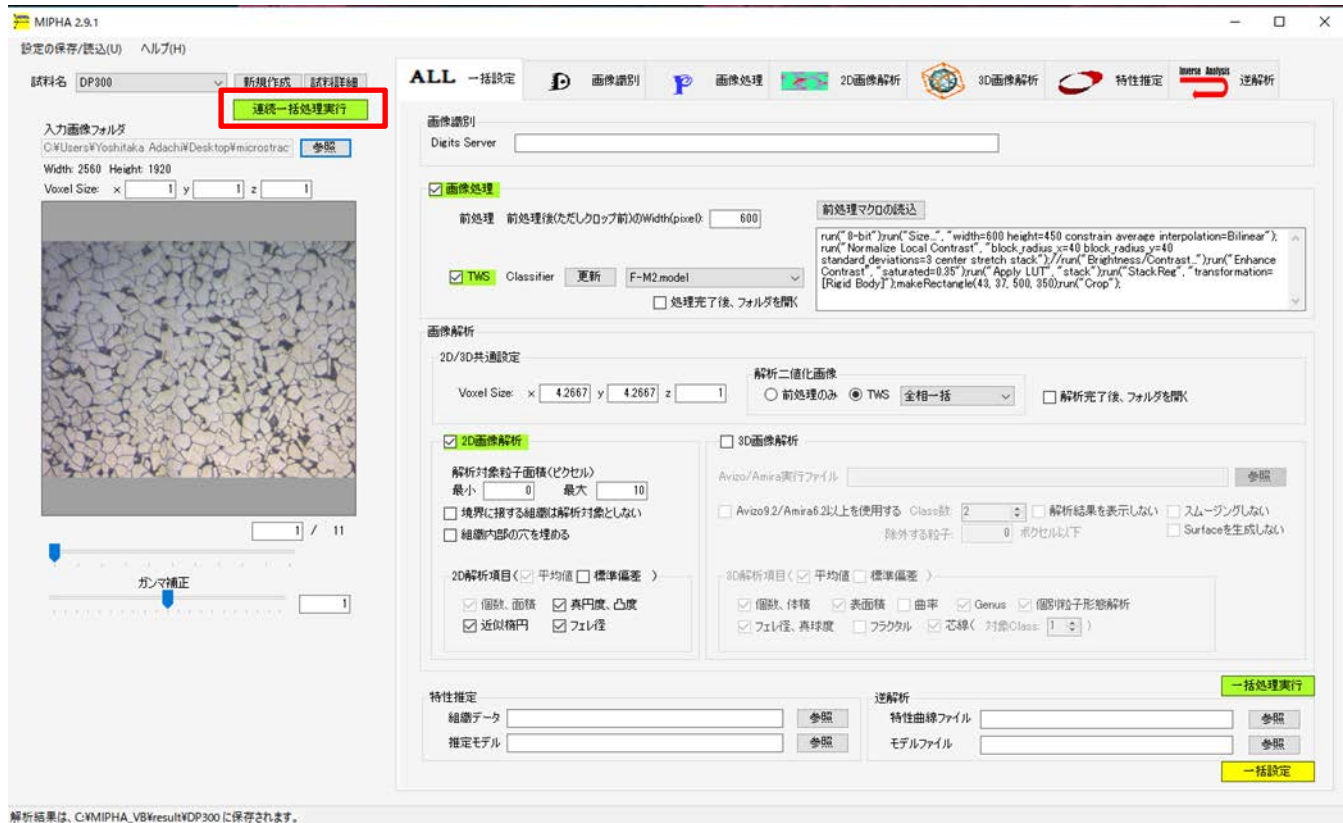



左上図の小さな粒子が除去されている。

なお、手で追加修正することも可能です。詳しくはユーザーサイトの [FAQ集](#) を参照願います。

* 【連続一括設定機能】

複数の試料に対して、試料名入力、前処理・識別器の各種設定を終えたのちに、**連続一括処理実行**をクリックすると、次図のようなポップアップ画面が現れます。連続処理する複数の試料名をダブルクリックして指定した後に、**連続一括実行**をクリックすると連続定量画像解析が始まります。解析結果はそれぞれの試料名のフォルダに保存されます。



⑥ 【特性推定（順解析）】¹⁹  （標準エディション以上の機能です）

特性推定タブでは、ニューラルネットワークによる組織→特性推定が可能です。

*本モジュールを利用するためには、市販ソフト Predict の購入が別途必要です。

本モジュールの機能は大きく二つに分かれます。

【ニューラルネットワークモデル（順解析モデル）の作成】

【モデルを使った特性の推定】

特性推定モデル（順解析モデル）の作成

【データフォーマット】

最初に、組織—特性データファイルを以下のフォーマットに従って csv ファイルとして準備してください。特性データは必ず最後の列に記入してください。目的変数（特性）が二つある場合は、右 2 列を目的変数としてください。（New!! 2018/2/20）目的変数の数を「出力数」から選択してください。

組織データ						特性データ	
Hv(mtrx)	Hv(2nd)	VM(2nd)	f	h	v	true strain	true stress
200	540	36.335016	0.00290429	0.03812892	4.97E-05	0.00203886	473.538495
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.00998102	664.814525
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.01977831	769.072521
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.02960696	828.839711
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.03923562	871.181464
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.04883445	901.964742
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.05828061	925.101442
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.06769921	944.891124
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.07696965	959.632543
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.08621467	973.791862
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.09543381	985.079377
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.00203886	539.678207
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.00993804	739.320006
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.01986341	851.42841
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.02960696	921.615249
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.03923562	959.134535
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.04877245	985.65114

【特性推定モデルの作成】（2017/12/29 外れ値検出 on/off 機能を実装しました **NEW**）

「特性推定モデル作成」のラジオボタンを選択後、組織—特性データファイル(csv形式にしてください)を指定し、保存するモデル名を入力したうえで、学習条件を必要に応じて変更し、「実行」をクリックすると、組織から特性を推定する順解析モデルが作成されます(C:\¥MIPHA_VB¥CharacteristicsPrediction¥model に保存)。デフォルトの学習条件で多くの場合一番精

¹⁹ 足立 吉隆, 新川田 圭介, 奥野 晃弘, 弘川 奨奨悟, 田口 茂樹, 定松 直, 初歩的な人工知能による DP 鋼の高次元組織データ駆動型応力-ひずみ曲線の予測, 鉄と鋼, 102 巻 1 号, pp.47-55(2016)

度の良いモデルが作成されます。なお、「外れ値検出を行わない」の設定は、入力値および出力値の上下限値の1%範囲のデータを学習に使用するかしないかを選択する機能です。通常はチェックを on (デフォルト設定であり、外れ値検出を行わない) にしてください。データが均一に分布している場合は、この設定による影響はほとんどありませんが、データが上下限範囲に偏っている場合は影響します。特に、逆解析の最大値・最小値探索機能を使うときはチェックすることを推奨します。解析結果 (C:\¥MIPHA_VB¥CharacteristicsPrediction¥csv に保存) は結果ログに表示され、選択された変数がどのようなデータ変換の結果選択されたのかを示す結果や、モデルの精度を表す相関係数 (学習データ、テストデータ) や、データ変換後の入力ノード数・隠れ層のノード数・出力ノード数ならびに感度解析 (思い係数の平均、その二乗、その分散、重み平均値の二乗/分散) の結果が分かります。



データ選択結果の記述内容

A (Analysis)... データ分析で定数、欠陥が多い、文字列の種類が 64 以上などの条件で削除された変数。

V (Variable): 変数選択で削除された変数。

I (Input): 入力変数として採用された変数。

例: F001 の変数は T02 のデータ変換により採用。

F002 の変数は T01 のデータ変換により採用。

「ネットワーク」にある隠れ層構造—最大ノード数を大きくするほど複雑なネットワーク構造となります。単純な重回帰分析モデルを作成したいときは、この隠れ層の最大ノード数を零としたうえで、出力層の伝達関数として linear を選択して下さい。

○データ変換のレベルに応じて以下のデータ変換がなされます。

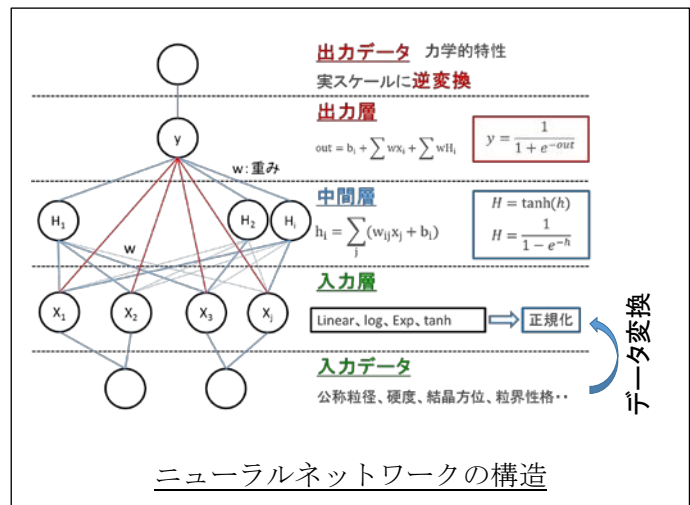
Data transformation	ax	log(x)	log(log(x))	exp(x)	exp(exp(x))	x ²	x ⁴	x ^{1/2}	x ^{1/4}	1/x	1/x ²	1/x ⁴	1/x ^{1/2}	1/x ^{1/4}	tanh(x)	ln(x/(1-x))
Scale data only	✓															
Superficial	✓	✓						✓		✓					✓	✓
Moderate(default)	✓	✓	✓	✓		✓	✓	✓	✓	✓	✓		✓	✓	✓	✓
Comprehensive	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓

上から、規則的なデータ変換、表面的なデータ変換、一般的なデータ変換、包括的なデータ変換。下に行くほど徹底的にデータ変換がなされることとなります。

○変数選択レベル、最適なネットワークを探すレベルを設定します。

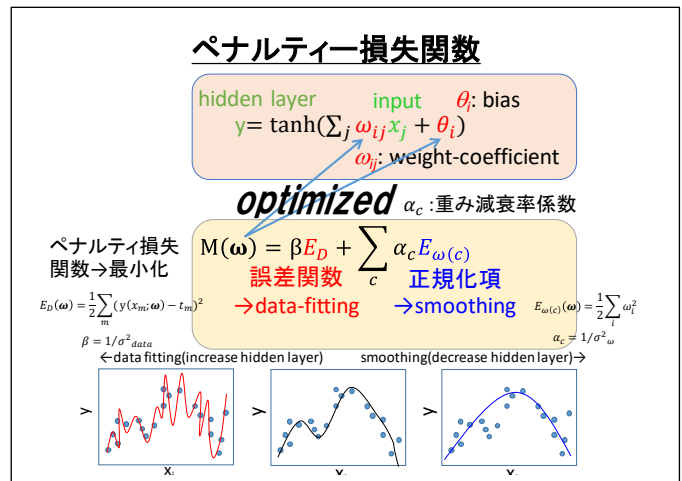
変数選択しないを選択すると全入力因子が記述子となります。重要な記述子をデータ変換・変数選択(*)により選抜したい場合は、変数選択のレベルを選択（デフォルト：包括的な変数選択）します。どの変数が採用されたかは結果ログに、表示されます。

* 弘川奨悟, 田口茂樹, 松下康弘, 足立吉隆, 鉄と鋼, DP 鋼の応力—ひずみ曲線を支配する組織因子のスパース学習, 103 巻, (2017) 印刷中.



○正則化

Predict では、カスケードコリレーション法で重み係数の最適化を行っています。また、過学習を抑制するために、重み係数の評価関数はペナルティ損失関数を採用しており、それが最小になるように重み係数を決定しています。ここで、誤差関数と正則化項のバランスを決めているのが重み減衰率 (α_c) であり、その最適化が精度のよいニューラルネットワーク解析をするために重要です。順解析モジュールでは「正則化」のところで、隠れ層、出力層のそれぞれの重み減衰率を設定します。(デフォルト値は、隠れ層 0.0005, 出力層 0.0001。) なお、正則化のパ



ラメータですが、重み減衰率は雑音設定が「クリーンなデータ」から「一般的な雑音データ」の時に有効で、「ひどい雑音」の場合には、学習ルールが「カルマンフィルター」となり、調整用のパラメータが雑音(カルマン)になります(雑音の程度に応じて1~100の値を指定します)。

【特性の推定】

「特性推定」のラジオボタンを選択後、特性を推定したい組織情報ファイルを指定し、上記で作成した順解析モデル(C:\¥MIPHA_VB¥CharacteristicsPrediction¥model に保存)を選択後、実行を行うことにより、特性を推定します。推定された特性は組織情報データの最後の列に追記される形で表示されます。

【逆解析】 (標準エディション以上の機能です)

この逆解析では望む特性を得るための組織因子の候補値を提示します。目的変数の数は最大二つまで設定可能です。

*本モジュールは MIPHA のオリジナルモジュールですが、利用するためには、**一部市販ソフト Predict** を使うため、その購入が別途必要です。

要望する特性として**特性曲線**（応力—ひずみ曲線など）あるいは**特性値**（硬さなど）を選択し、曲線の場合はファイル（応力—ひずみ関係のデータ）を指定し、単独の特性値の場合はその値を入力するか最大値、最小値探索機能を利用します。最大値・最小値探索機能を使うときは、順解析モデル作成時に「外れ値探索行わない」にチェックを on にしてください。

(New!!2018/2/20) 目標値が二つある場合は、予め作成した順解析の Predict モデルを選択すると、「特性 1」とともに「特性 2」が入力可能となります。その後、**適応度評価関数(2 出力用)**の係数 a, b, c を入力して下さい。2 目的変数の積

が最大になるように逆解析する場合は、a=0, b=0, c=1 と入力して下さい。2 目的変数の和が最大になるように逆解析する場合は、a=1, b=1, c=0 と入力して下さい。2 目的変数をそれぞれ正規化したうえで、逆解析する場合は、**正規化**にチェックを入れて下さい。なお、正規化にチェックを入れた場合は、正規化した目的変数の積が最大になるように探索しますが、出力結果は実スケールに換算して表示され、必ずしも実スケールの目的変数の積が最大にはならない場合があります。

次に、順解析で作成した Predict モデルをその後選択すると、自動で①～⑩に順解析モデル作成時の組織因子の下限値と上限値、ならびに分割数（変更可）が入力されます。なお、目標が特性曲線の場合、順解析モデル作成時のデータで、説明変数（組織因子）の中の独立変数（応力—ひずみ曲線のひずみなど）は右から二列目が自動で指定されます。目標値が単独特性の場合は、最右列を除く全変数が説明変数となります。

続いて、組織因子を走査する遺伝的アルゴリズムのオプションパラメータ（例えば、母集団サイズ 2000、最大世代数 200、交叉率 0.1、突然変異率 0.85）を入力します²⁰。逆解析解の候補数（最大数であって、候補がそれ以下の数の場合は数が少なくなります。最大 500 候補まで探索できます。）を選択後、「**探索開始**」をクリックすると逆解析が開始します。結果は CSV ファイル形式で出力が可能です。本逆解析は、特性曲線の場合目標値セット(x)と推定値セット(y)の一次式 $y=ax$ の a をできるだけ 1 に近づける説明変数（組織因子）の探索を行うアルゴリズムで計算が行われている（具体的には、線形フィット係数により評価しており、その定義は、 $y(\text{モデル}) = a \times X(\text{実験})$ としたときの線形フィット係数= $1 - \text{絶対値}(1-a)$ で定義)。単独特性の場合、目標値との絶対誤差が最小となる説明変数の探索を行います。

説明変数						目的変数	
Hv(mtrx)	Hv(2nd)	VM(2nd)	f	h	v	独立変数 true strain	従属変数 true stress
200	540	36.335016	0.00290429	0.03812892	4.97E-05	0.00203886	473.538495
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.00998102	664.814525
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.01977831	769.072521
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.02960696	828.839711
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.03923562	871.181464
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.04883445	901.964742
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.05828061	925.101442
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.06769921	944.891124
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.07696965	959.632543
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.08621467	973.791862
200	540	36.335016	0.00112	0.03812892	4.97E-05	0.09543381	985.079377
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.00203886	539.678207
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.00993804	739.320006
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.01986341	851.428441
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.02960696	921.615249
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.03923562	959.134535
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.04877245	985.651114
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.05828061	1009.64379
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.06769921	1025.08339
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.07696965	1039.02295
190	480	46.8949724	0.00215309	0.03899304	0.00032304	0.08615494	1050.17367

²⁰ ある世代（親）に対して交叉と突然変異を起こした子を生成し、その親子の中で優良なものを次の世代として、最大世代数まで繰り返します。最大世代数まで生き残った遺伝子の中で、指定された（誤差が小さい）上位数分の入力データセットを出力します。したがって、母集団数を増やしたほうが、世代数を大幅に増やすよりは、より良い最終結果を得るためには有意義です。また、突然変異率を高め設定するほど値を大きく変化させますので、極小値に陥る可能性が低くなります。逆にラフな探索になりますので、最適な交叉率と突然変異率のバランスの設定が必要になります。入力変数の分割数を増やすと、より詳細な最適値探索が行われます。

逆解析により提案された組織の類似性、特徴解析については以下のFAQ集を参考にしてください。

<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/FAQ.htm>



演習用模擬シリアルセクション画像

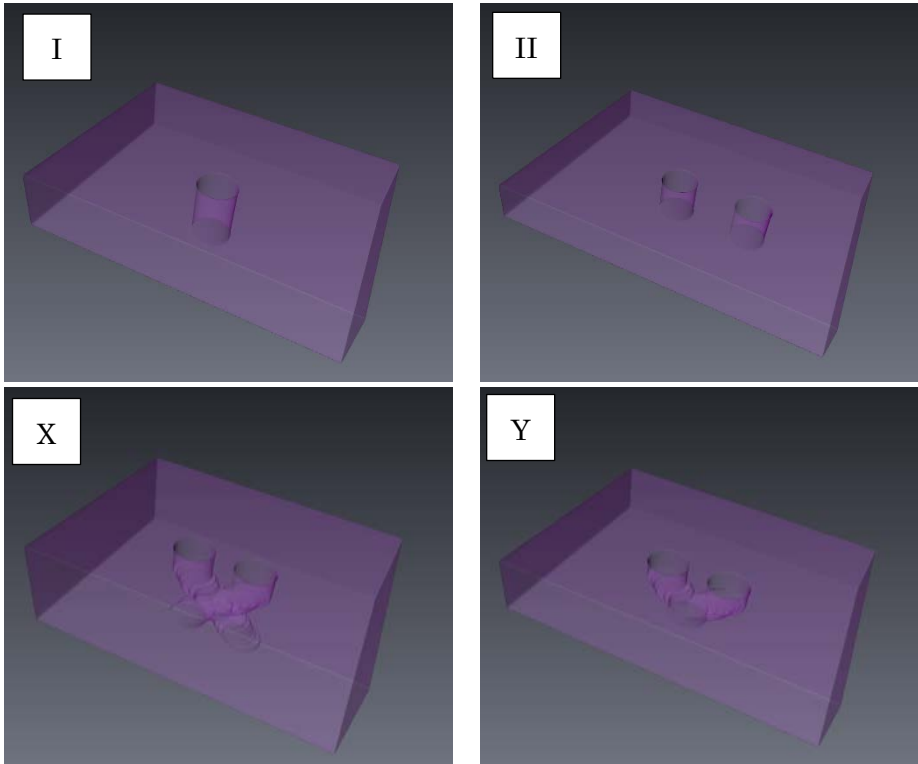
以下のサイトに演習用画像を置いていますので、ご利用ください。

http://www.geocities.jp/adachi_yst2/MIPHA/topology/image.lzh

- I: ●が一列に並ぶ連続画像
- II: ●が二列に並ぶ連続画像
- X: 二列の●が途中で交差する連続画像
- Y: 初め二列の●が途中で一列に並ぶ連続画像

また、画像の画像解析に用いる前処理マクロ（拡張子:.model）と画像処理識別機（フィルタ、拡張子なし）も上記圧縮ファイルに入っていますので、前処理マクロ(White&Black20170524.model)をMIPHA_VB/fiji-win64/Fiji.app/macrosのフォルダに貼り付け、識別機(white-Black20170524)をMIPHA_VB/classifierフォルダに貼り付けてください。その後、MIPHAよりこのマクロ、識別機を選択していただいて、解析を進めてください。

なお、このようなマクロ、識別機を自ら作ることも容易にできます。詳細は、本マニュアルに書いていますので、参照ください。



	穴の形状			
	I	II	Y	X
Euler	0	-2	-2	-4
Genus	1	2	2	3
handle	1	2	2	3

$$\chi(\text{surface}) = v - e + f$$

三次元物体表面を三角形で分割した際の、
頂点の数(v), エッジの数(e), 面の数(f)

$$g = 1 - \frac{K_{\text{total}}}{4\pi} = \frac{2 - \chi(\text{surface})}{2} = 1 - \chi(\text{solid})$$

$$g = h - (v + b) + 1$$

$$\chi(\text{solid}) = (b + v) - h$$

さらに高度な解析の実施について

以下の FAQ 集を参考にしてください。

<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/MIPHA/FAQ.pdf>

本 MIPHA のファミリーソフトとして、プログラミング言語 R で書かれた rMIPHA ファミリーおよびクラウド型の shinyMIPHA があります。rMIPHA ファミリーは、rMIPHA, Theory_designer, Material Image Editor で構成されます。

shinyMIPHA の特徴は、材料組織形態の先端定量解析機能(輝度値のパターン解析、二点相関関数、パーシステントホモロジー解析など)を実装するとともに、そこで得た材料組織特徴量と特性との相関関係を表現する順解析モデル(ニューラルネットワーク回帰、サポートベクター回帰、ランダムフォレスト回帰)、望む特性やトレードオフの関係にある特性間のバランスを最大化する組織を効率よく探索する逆解析モデル(ベイズ的最適化)の構築が、操作性に富むユーザーインターフェースにより容易に行うことができます。より詳しくは以下のサイトを参照してください。<http://www.numse.nagoya-u.ac.jp/3DAI/shinyMIPHA.pdf> shinyMIPHA のでもバージョンが以下よりご利用いただけます。<https://adachi-lab.shinyapps.io/demo/>

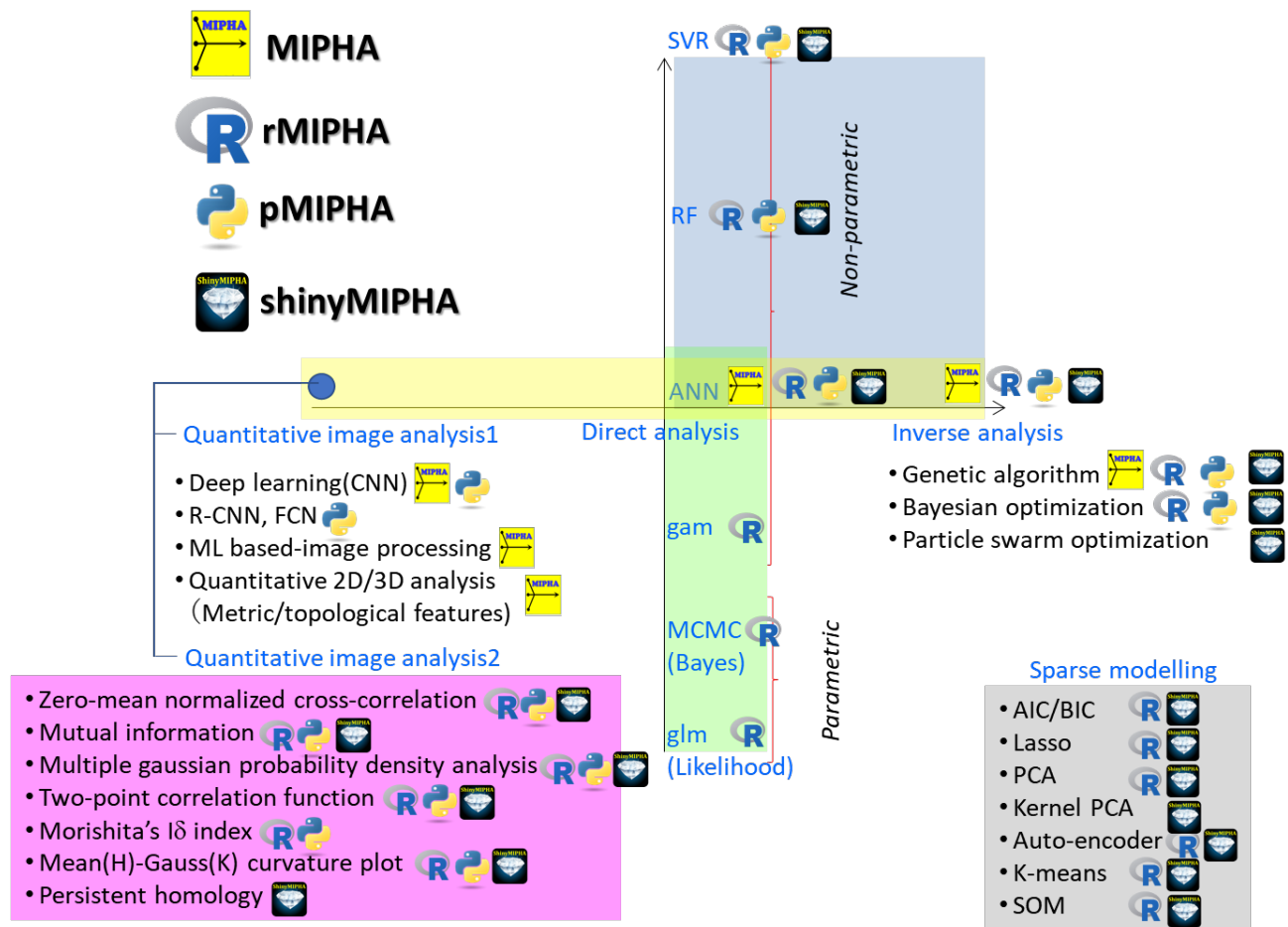
rMIPHA は、赤池情報量域準 AIC や lasso による最適モデルの提案、各種識別器（ニューラルネット、サポートベクター回帰、ランダムフォレスト回帰、重回帰）による機械学習モデルの構築、GridSearch/ベイズ的最適化による識別器のハイパーパラメータの最適化、新規データに対する特性推定、ベイズ最適化を使った逆解析による最高出力（特性）を得るための最適入力因子（組織）の提案、トレードオフの関係にある 2 目的変数のバランス最適化探索、ニューラルネットの荷重結合係数の自動算出、および主成分分析、オートエンコーダーによる変数の次元削減などの一貫解析が可能です。

rMIPHA ファミリーの Theory Designer は、理論式などの係数やべき指数を推定するノンパラメトリック解析が可能です。一般化線形モデル、一般化加法モデル、ベイズ更新と MCMC 法による事後確率推定法、ニューラルネットワークによる推定が可能です。

rMIPHA ファミリーの Material Image Editor では、二つの画像の類似性の評価が可能です。正規化相互相関係数、単一・複数ガウス確率密度関数、特徴量の主成分分析による評価（一部 MIPHA, rMIPHA を利用）が可能です。

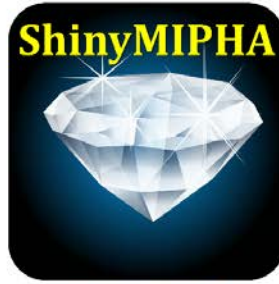
MIPHA、rMIPHA ファミリー、shinyMIPHA の比較は下図を参照してください。なお、別に python 言語で書かれた pMIPHA もあります（領域検出のアルゴリズムとして、ディープラーニングである FCN 系の segnet, U-net と Mask R-CNN が実装されています）。

MIPHA family





Material Genome Integration Cloud System for Phase and Property Analysis



Sample data is available in help tab.

Notices and Disclaimers.

This website is maintained by Adachi-lab, Nagoya University, Japan.

You can use this website only if you agree to the following terms.

Important Notes

- Copyright on each information attributes to its creator.
- We prohibit all uses or diversions of all contents in this website without permission or quoting this website.
- We do not guarantee the accuracy of data and contents in this website. Also, data supply may be suspended or contents may be changed at anytime.
- It is customer's responsibility for the use of this website.

Disclaimer

Copyright©Adachi-laboratory, Nagoya University, Japan

Train ANN model and Prediction

Choose CSV file for training

Browse... No file selected

Choose CSV file for predicting

Browse... No file selected

Display

Head

All

Submit

Data Best parameter Graph(scaled) Sensitive analysis network Predict Manual

Fraction of train data,(0.9)



set.seed,(123)

set.seed(1)

set.seed(123)

set.seed(300)

Input variables, (1-7)



Output variables, (8-9)



Note: When No. of output variable=2, the product of two output variables becomes a new output variable.

No. node,(5)



Decay,(0.01)



Copyright©Adachi-laboratory, Nagoya University, Japan

図 shinyMIPHA の操作画面

<hr/>	
2	
2D %Area	18
2D Circ.	18
2D Count	18
2D Solidity.....	18
2D 面積	18
<hr/>	
3	
3D Area.....	18
3D Count	18
3D Euler-Poincare	18
3D Genus	18
3D Volume.....	18
3D 解析	17
<hr/>	
8	
8ビット	11
<hr/>	
A	
amira.....	17
AR16	
Average size	16
AVIZO.....	17
<hr/>	
C	
Circ.	16
classifier.....	14, 15
CSV 形式	15
<hr/>	
D	
DIGITS.....	10, 11
<hr/>	
F	
Fiji.....	11, 14, 15
<hr/>	
M	
MIPHA.....	4, 8, 11, 13, 14, 15
MIPHA light.....	5
<hr/>	
R	
rMIPHA.....	30, 31
<hr/>	
S	
shinyMIPHA.....	31, 32
Solidity	16
sphericity	19
<hr/>	
T	
Trainable Weka Segmentation	8, 14
TWS	4, 8, 14, 15, 17
<hr/>	
V	
Voxel Size.....	15
<hr/>	
あ	
明るさ補正.....	11
<hr/>	
い	
一括設定	10
遺伝的アルゴリズム.....	28
<hr/>	
か	
画像解析	4, 15

画像処理 4, 11, 14, 15, 17

画像の前処理 11

き

逆解析 4, 5, 8, 28

曲率 18

さ

サイズ統一 11

最大値・最小値探索 26, 28

索引 33

し

識別機 14, 15

事前準備 4, 8

真円度 8, 16

真球度 18, 19

せ

線形フィット係数 28

先端的画像処理 8

そ

組織識別 4, 10

た

楕円体 18

て

ディープラーニング 8, 10

定量評価 8

適応度評価関数 28

と

特性推定 25

凸度 8, 16

の

ノイズ処理 17, 20

は

外れ値検出 25, 26

バックグラウンド偏り補正 11

ふ

フェレ径 15, 18, 19

フラクタル次元 19

ま

前処理マクロ 12, 13, 15

マクロ 5, 11, 12, 13, 14, 15, 29

れ

連続一括処理実行 24

開発代表者

名古屋大学大学院工学研究科材料デザイン工学専攻
計算材料設計講座構造形態制御工学研究室
足立 吉隆

協力開発者

マックスネット㈱ 上村 逸郎
SET ソフトウェア㈱ 松下 康弘

本材料情報統合システム” MIPHA” は開発途上のソフトウェアであり、一部バグなどの不具合を含む可能性がある。本ソフトを使用して得た結果については、開発元は一切の責任を負わない。自己責任で使用していただくことをご理解下さい。