深層学習を用いた大豆の莢形状と子実の自動抽出の検討 ○井上大輔(福島大院食農)・牧 雅康(福島大食農)

1. はじめに

現在,福島大学食農学類付属発酵醸造研究所では,ゲノムワイド関連解析(GWAS: Genome-Wide Association Study)のために大豆の育種を行っており、その為の形質測定は大豆の品種ごとの莢数や葉の形状、草丈 等様々な項目について効率良く測定する方法が求められる。ゲノムワイド関連解析とは、多くの個体における表現型と遺伝子型の関係を統計的に調べる手法であり、特定の形質に影響を与える遺伝子や遺伝子領域を発見することを可能とする手法である。従来の形質測定は手作業で行っており、この作業は非常に労力と時間がかかる。さらに、作業を行う人によって異なる結果になる可能性がある。このような理由から、この形質測定作業は、客観的な省力化が求められている。このことから、本研究では、画像処理における深層学習の一種であるインスタンスセグメンテーションと群衆カウントを用いて、大豆の莢と子実の自動抽出について検討した。

2. 方法

本研究では、福島県農業総合センターで栽培されたユキホマレ、里のほほえみ、金成 1 号、あやこがね、スズユタカ、白蔬太、クロゴヨウを対象とした。これらは iPhone13promax のデジタルカメラ機能を使用して撮影した。撮影日は 2022 年 9 月、11 月、2024 年 10 月 23 日である。深層学習モデルとして、インスタンスセグメンテーションには YOLO12 (Tian 2025)、群衆カウントには P2PNet-Soy (Zhao et~al.~2023)を使用した。 YOLO12 は 2022 年と 2024 年の画像で一から学習させ、P2PNet-Soy は事前学習済みモデルを用いた転移学習により、モデルの安定化のために 2024 年の画像のみで学習を行った。YOLO12 では、データセットを学習用 91 枚、検証用 24 枚の 8:2 の比率で分割し、検証データを利用して再現率と適合率を評価指標として精度評価を行った。一方、P2PNet-Soy では学習用 49 枚、検証用 13 枚でデータを分割し、評価指標にはMAE(平均絶対誤差)と R^2 (決定係数)を用いた。最終的に、これら2つのモデルを組み合わせることで、より正確な子実数のカウントを目指した。具体的には、YOLO12で生成されるマスク領域内に P2PNet-Soy の検出結果がある場合は正解として扱い、マスク外での検出は莢外検出として抑制することで、精度向上を図った(図 1)。

3. 結果と考察

YOLO12 の性能評価において,適合率 0.696, 再現率 0.731 という結果を得た。茎が前面にある場合でもある程度の検出が可能である点は良好であったが,全体的な精度はさらなる向上が望まれる。特に,莢が密集している部分での検出精度の低下や緑色の莢の検出不良が課題として挙げられた。これらの問題は,データセット枚数の不足と事前学習済みモデルを使用していないことが主な要因と考えられ,今後の学習方法の改善が必要である。 一方, P2PNet-Soy は MAE15.54, 決定係数 0.76 という結果となり,まずまずの精度

を示した。しかし、子実が入っていない部分への誤検出が見られるため、さらなる改良が求められる。YOLO12 と P2PNet-Soy の組み合わせ手法では、P2PNet-Soy による葉や茎への誤検出の抑制効果が確認された。一方で、この手法は YOLO12 の性能に依存するため、YOLO12 の精度が低い場合には組み合わせ全体の性能に影響を与える課題が明らかになった。また、両モデルを組み合わせた場合の総合的な精度評価方法の確立が今後の重要な課題である。

引用文献

Tian, Y. (2025) YOLOv12: Attention-centric real-time object detectors. *In:* https://arxiv.org/abs/2502.12524,arXiv.org, Cornell University, Ithaca.

Zhao, J. et al., (2023) Improved field-based soybean seed counting and localization with feature level considered. Plant Phenomics, 5, 0026.

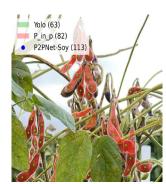


図1. YOLO12とP2PNet-Soyの 組み合わせ.緑: YOLO12の み,赤: YOLO12+P2PNet 一 致,青点: P2PNet 検出点.