

記者会見のお知らせ

(日本育種学会第147回講演会における発表課題)

1. 会見日時: 2025年3月13日(木) 13:00~14:30

2. 会見場所・方法

東京大学農学部キャンパス1号館地下1階 5番講義室 (<https://www.a.u-tokyo.ac.jp/campus/overview.html>の「農学部1号館」の東側、「館」の辺り)とZoomを用いて、対面・オンラインのハイブリッド形式にて行わせていただく予定です。参加を希望される場合は、当日直接会場にお越しいただいても大丈夫ですが、できれば担当者へのメール(5. 問い合わせ先 参照)又はフォーム <https://forms.gle/FqneFYdDSyPJRVBw6>にてその旨をお知らせください。担当者から資料やオンライン参加のための情報をお送りいたします。



地図



登録フォーム

3. 会見の趣旨

育種学は作物の品種改良の技術基盤とその理論を追究する学問領域です。一般社団法人日本育種学会(会員約1,600名)は、育種に関する研究・技術の進歩、研究者の交流と協力、育種の知識の普及を目的として活動しています。

本記者発表は、3月20・21日(木・金)に東北大学において行われる日本育種学会第147回講演会(別紙1)の合計199(口頭発表104題、ポスター発表95題)の講演課題の中から、特に話題性が高いと考えられるものとして選定された3課題の内容についてご説明するためのものです。

*当学会として発表の学術的な正しさを保証するものではないことにご留意ください

4. 会見の内容・発表者

(1) ご挨拶・諸注意

日本育種学会幹事長 岩田 洋佳(東京大学 大学院農学生命科学研究科)

(2) 戦火の前に収集されたイネ、半世紀の眠りから覚め母国へ

- 日本人研究者が残した遺伝資源、今後の品種改良での活用へ
石井 尊生(神戸大学 大学院農学研究科) (別紙 2-1)

(3) 日本で開発された優良作物品種の育成者権を守る

高島 令玉奈(農研機構 食品研究部門) (別紙 2-2)

(4) 急速に進化する生成AIを活用した点群構築について植物を用いて検証

兒玉 晋洋(東京大学 大学院農学生命科学研究科) (別紙 2-3)

5. 問い合わせ先

津釜 大侑(日本育種学会運営委員記者発表担当、東京大学 大学院農学生命科学研究科)

電話: 070-1070-1431

E-mail: tsugama@g.ecc.u-tokyo.ac.jp

一般社団法人日本育種学会 第147回講演会プログラム
2025年春季 東北大学

3月20日 (木・祝)	午前	受付 8:30開始(C棟C106)				
		第1会場	第2会場	第3会場	第4会場	第5会場
		C棟C200	B棟B200	B棟B201	B棟B202	B棟B203
	ゲノム解析・ゲノム育種 101-110 9:00-11:30	オミクス・データベース 201 9:00-9:15	育種法・育種技術 301-310 9:00-11:30	収量・品質 401-405 9:00-10:15	抵抗性・耐性 501-510 9:00-11:30	
		遺伝子機能 202-210 9:15-11:30		品種育成・遺伝資源 406-410 10:15-11:30		
	○ 株式会社ジーンベイ ランチョンセミナー 12:00-12:50 (会場:A棟A200) 「葉たばこゲノム解析:De novoアセンブリから育種への応用まで」 講演者:宇田川 久史(日本たばこ産業株式会社 葉たばこ研究所) 講演者:上村 泰央(株式会社ジーンベイ)					
	総 会 13:00-14:00 (会場:マルチメディア教育研究棟M206)					
	学会賞受賞講演 14:10-17:45 (会場:マルチメディア教育研究棟M206)					
	午後	受賞者紹介	14:10-14:20			
		学会賞	14:20-14:55	◎イネ穂の構造を決定するしくみの分子遺伝学的解析 経塚 淳子(東北大学大学院生命科学研究科)		
		15:00-15:35	◎有用植物変異体の解析と育種への応用 草場 信(広島大学大学院統合生命科学研究科)			
奨励賞		15:40-16:15	◎多収で外観が優れ、しっとりとした食感を持つ高糖度サツマイモ品種「べにはるか」の育成 農研機構・九州沖縄農業研究センター「べにはるか」育成グループ(代表者:甲斐 由美)			
		16:20-16:45	◎イネ科植物における茎形成機構の研究 津田 勝利(国立遺伝学研究所)			
		16:50-17:15	◎野外試験圃場における高効率フェノタイピングと情報解析に関する研究 郭 威(東京大学大学院農学生命科学研究科)			
	17:20-17:45	◎全ゲノム解析に基づく作物の遺伝解析手法の高度化 山本 英司(農研機構 作物研究部門)				
懇親会 18:15-20:15 (川内の杜ダイニング)						
3月21日 (金)	午前	受付 8:30開始(C棟C106)				
		ポスター発表 9:00-11:30 奇数番号 9:00-10:15 偶数番号 10:15-11:30				
		C棟C201 - P001 ~ P020		C棟C204 - P051 ~ P060		
		C棟C202 - P021 ~ P040		C棟C205 - P061 ~ P080		
	C棟C203 - P041 ~ P050		C棟C206 - P081 ~ P094			
	午後	第1会場	第2会場	第3会場	第4会場	第5会場
		C棟C200	B棟B200	B棟B201	B棟B202	B棟B203
		ゲノム解析・ゲノム育種 111-121 13:00-15:45	ゲノム解析・ゲノム育種 211-221 13:00-15:45	増殖・生殖 311-321 13:00-15:45	品種育成・遺伝資源 411-421 13:00-15:45	抵抗性・耐性 511-514 13:00-14:00
						発生・生理 515-521 14:00-15:45

1. 話題

戦火の前に収集されたイネ、半世紀の眠りから覚め母国へ

— 日本人研究者が残した遺伝資源、今後の品種改良での活用へ

2. 講演タイトル

講演番号 413 半世紀以上眠るイネ在来品種遺伝資源の凱旋復活に向けて

3. 発表者

石井尊生¹⁾、Lim Sathya¹⁾、Orn Chhourn²⁾、石川亮¹⁾、齊藤大樹³⁾、佐藤豊⁴⁾

(1. 神戸大・院農学、2. カンボジア・農業研究開発研究所、3. 国際農林水産業研究センター・熱帯 島嶼研究拠点、4. 国立遺伝学研究所)

4. 発表概要

半世紀以上前（ベトナム戦争・カンボジア内戦が起こる前）、インドシナ諸国（カンボジア、タイ、ラオス、ベトナム）でイネの在来品種^{注1)}が兵庫農科大学（現：神戸大学農学部）の濱田秀男教授によって収集されました。これらの品種は、当時の大きな遺伝的多様性^{注2)}を維持する貴重な遺伝資源^{注3)}といえます。最近、これらの一部の品種の種子が国立遺伝学研究所で保存されていることが発覚しました。そこで、種子分譲可能であった162系統の在来品種を材料として、種子形質^{注4)}、農業形質およびいもち病^{注5)}抵抗性の調査を行いました。また、また分子マーカー^{注6)}を用いて国別のグループ内およびグループ間の遺伝的多様性を評価しました。さらに、濱田教授が残した種子袋と調査記録等から正しい品種名と起原地等の精査を行いました。そして、これらのデータとともに、まずカンボジアの49系統の在来品種の種子を母国の農業研究開発研究所に返還しました。これまで、収集した遺伝資源を保存していた国から元の状態でまとめて母国に返還した例はほとんどないと思います。今後これらが遺伝資源として原産国のイネの品種改良に有用利用されることを期待しています。

5. 発表内容

【背景】

第2次世界大戦の復興が一段落した1950年代の半ば、本格的な学術調査団として日本民俗学協会が主催し文部省が後援した「東南アジア稲作民族文化総合調査団」が組織されました。この調査団は様々な分野の専門家を含む18名からなり、1957年から1958年にかけてメコン川流域のインドシナ諸国（カンボジア、タイ、ラオス、ベトナム）に派遣されました。その調査団の「農学班」の1人であった兵庫農科大学の濱田秀男教授は、農業関係の現地調査を行うとともに、イネ在来品種を収集しました（図1）。これらの種子標本は兵庫農科大学から国立移管した神戸大学農学部に残されていますが、種子の発芽能力はすでに失われていました（図2）。ところが5年ほど前、一部の品種の種子が国立遺伝学研究所で維持・保存されていることが発覚しました。そこで、半世紀以上眠っていたこれら遺伝資源の復活ならびに母国への

返還を目指して、研究プロジェクトチームを立ち上げました。



図1. インドシナ諸国での調査経路
筑摩書房「稲の日本史」(1969年)より



図2. 神戸大学にあるイネの種子標本

【目的】

在来品種は遺伝的な多様性を維持する遺伝資源として非常に貴重です。本研究では、半世紀以上前に収集されたイネ在来品種について、収集情報の精査、種子形質・農業形質・いもち病抵抗性の調査、ならびに分子マーカーを用いた遺伝的多様性の評価を行いました。そして、これらのデータとともに在来品種を母国に返還し、今後の原産国でのイネの品種改良に有用利用されることを目的としました。

【材料】

国立遺伝学研究所から種子分譲が可能であったイネ在来品種162系統（カンボジア49系統、タイ30系統、ベトナム63系統、ラオス20系統）。

【調査項目】

収集情報

濱田先生が残した種子袋（図3）と調査記録（図4）等から品種名と起原地等の精査を行いました。



図3. 収集時の種子袋

D The Groups of Rice in Cambodia						
I The Floating Rice						
No.	Variety	Provenance	L/v	Phenol	Necessity ²	
D-1-7	5771 HANN-KOK	Kg-Chiap	2.59	3	19.5	
D-2-3	5688 Hohon	Battambang	5.51	5	25.6	
D-2-4	5689 Hohon Beth	Battambang	5.25	2	25.2	
D-2-5	5692 Hohon Beth	Battambang	5.94	2	29.0	
V Hohon			5.25	5.9	29.5	
D-3-1	5687 Hohon	Battambang	2.65	3	26.5	
D-3-2	5688 Hohon	Battambang	2.80	6	25.8	
D-3-3	5689 Hohon	Battambang	2.51	5	20.5	

図4. 在来品種の調査記録

種子形質

種子および玄米のサイズ（長さ・幅・厚み）と重さを計測しました。また、籾殻色、玄米色、モチ性、種子の穂からの落ちやすさについても調査しました（図5）。そして、それら形質に関連する遺伝子変異の調査を行いました。



図5. 様々な在来品種の種子

農業形質

器官のアントシアニン色素沈着と穂が出るまでの日数などの7つの農業形質について調査しました。

いもち病抵抗性

国際農研で維持しているいもち病標準菌株を用いて抵抗性を調査しました。

遺伝的多様性解析

分子マーカーを用いて遺伝的多様性の調査を行いました。そして、国別のグループ内およびグループ間の遺伝的多様性を評価しました。

【総括】

さまざまな項目の調査により、半世紀以上にインドシナ諸国で収集された在来品種の遺伝変異が明らかになりました。また、これら在来品種は改良品種より高い遺伝的多様性が維持されているため、遺伝資源として大変貴重なものです。特に、ベトナム戦争やカンボジア内戦など、社会が混乱を極めた時期の前に収集されたものなので、なおさらです。そこで最初の取り組みとして、カンボジアの49系統の在来品種の種子を本研究で得られた全データとともに母国の農業研究開発研究所（Cambodian Agricultural Research and Development Institute: CARDI）



図6. カンボジアの在来品種の返還式
2024年11月 CARDIにて

へ2024年11月に返還しました（図6）。これまで、収集した遺伝資源を保存していた国から元の状態でまとめて母国に返還した例はほとんどないと思います。そのため、本研究の在来品種が原産国のイネの品種改良に貢献することを期待しています。

6. 発表雑誌

種子形質等の解析結果は、Plants誌 2023年 12, 133. に発表

(<https://doi.org/10.3390/plants12010133>)

農業形質等の解析結果は、Journal of Crop Research誌 2024年 1-7. に発表

(https://doi.org/10.18964/jcr.69.0_1)

遺伝的多様性の解析結果、研究プロジェクトの全貌と遺伝資源の返還については未発表

7. 注意事項

カンボジアの49系統の在来品種は、国立遺伝学研究所の正式な研究材料分譲手続き (Material Transfer Agreement) およびカンボジアへの輸入許可を経て、母国の農業研究開発研究所 Cambodian Agricultural Research and Development Institute (CARDI) に返還されました。

8. 謝辞

本研究は、日本学術振興会 科研費 JP23K23633 の助成を受けたものです。

9. 問い合わせ先

〒657-8501 神戸市灘区六甲台町 1-1

神戸大学大学院 農学研究科 植物育種学研究室

石井 尊生 (教授)

Tel : 078-803-5825, E-mail : tishii@kobe-u.ac.jp

10. 用語説明

注1) 在来品種

それぞれの地域の環境に適応して古くから育てられてきた作物の品種。近年の改良品種に比べ、遺伝的多様性に富むため、品種改良の際の育種素材として利用される。

注2) 遺伝的多様性

グループ内またはグループ間で遺伝的な変異が存在すること。作物において有用な遺伝的変異は品種改良の際に導入・利用される。

注3) 遺伝資源

作物の改良に利用可能な遺伝変異を持つ個体、系統、品種。今すぐに使われなくても、将来有用となるかもしれない遺伝変異を持つものも含まれる。

注4) 種子形質

形質とは生物が示す様々な特徴 (特性) を意味する。種子形質は種子に関する形質、農業形質は農業生産に関わる形質のことをいう。

注5) いもち病

植物がカビの一種であるいもち病菌に感染して起こる病気。特に、イネいもち病は、日本をはじめ世界の稲作において、甚大な被害を引き起こす深刻な病害である。

注6) 分子マーカー

DNA レベルでの変異に基づいて設計され、その違いを検出できるもの。グループ内外の遺伝的多様性の解析にも利用できる。

1. 話題

日本で開発された優良作物品種の育成者権を守る

2. 講演タイトル

講演番号 419 LAMP 法を用いたブドウ品種‘シャインマスカット’の簡易迅速な識別法の開発および妥当性確認

3. 発表者

高畠令王奈¹⁾、門田有希²⁾、進藤彰子²⁾、峯岸恭孝³⁾、谷口郁也⁴⁾、橋本優¹⁾、竹内朋幸⁵⁾、高崎一人⁵⁾、磯部祥子⁶⁾

¹⁾国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構食品研究部門、²⁾岡山大学大学院環境生命自然科学研究科、³⁾株式会社ニッポンジーン、⁴⁾国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構果樹茶業研究部門、⁵⁾株式会社ファスマック、⁶⁾かずさ DNA 研究所

4. 発表概要

・‘シャインマスカット’は日本で開発された優良ブドウ品種ですが、海外に無断で持ちだされ、生産・販売されており、日本への逆輸入が懸念されています。

・主要ブドウ 24 品種より簡易迅速に‘シャインマスカット’を識別可能な手法を開発しました。本識別法では、前処理を簡易化し、遺伝子増幅に LAMP 法を利用することによって、全工程が 1.5 時間以内で終了します。

・LAMP 増幅産物の検出に DNA クロマト技術を導入することによって、高額な機器を使用せず、目視で判定可能な検出系も開発しました。

・開発した識別法については、複数の試験室による試験室間共同試験を実施して妥当性確認を行い、結果の再現性を確認しました。

5. 発表内容

【背景】‘シャインマスカット’は、農研機構によって育成された、種無し生産ができる黄緑色の大粒で食味良好なブドウ品種です。糖度が高く、マスカット香をもち、皮の渋みが少なく皮ごと食べられます。国内外で人気が高く、海外への輸出需要も高まっています。一方、本品種が海外において無断で栽培され、販売されている疑いが発生しています。農林水産省によると、中国におけるシャインマスカットの栽培面積は、すでに日本の栽培面積の 30 倍以上となっており、育成者権者が得られるはずの許諾料換算で年間 100 億円以上の損失が出ていると試算されています。また、海外で栽培されたシャインマスカットが第三国へ輸出され、日本からの輸出品と競合する事態となっています。さらに、海外で栽培されたシャインマスカットが日本に逆輸入される懸念が高まってきたことから、農研機構による輸入差止め申立が行われました。この申立ては 2023 年 10 月に受理され、現在、税関ではシャインマスカットを水際で差止める対象として、海外からの輸入品に対する検査が実施されています。品種識別に関しては、品種ごとの DNA の塩基配列の違いを利用した手法が一般的に採用されており、上記水際検査においても、DNA 品種識別技術の導入が必要とされています。また、生のブドウは生鮮品であり、検査

にかけられる時間には限りがあることから、簡易かつ迅速な遺伝子検査法が求められています。

【材料および方法】材料として、国内の主要ブドウ品種 24 種類（安芸クイーン、キャンベルアーリー、巨峰、クイーンニーナ、グロースクローネ、甲州、コンコード、サンヴェルデ、シャインマスカット、翠峰、スチューベン、赤嶺、高尾、デラウェア、ナイアガラ、ナガノパープル、ピオーネ、藤稔、ブラックビート、ポートランド、マスカット・オブ・アレキサンドリア、マスカット・ベリーA、ルビーロマン、ロザリオビアンコ）を使用しました。上記 24 品種について、3 種類のレトロトランスポゾン^{注1)}ファミリー（VINE1、Gret1 および Tvv1）について、次世代シーケンサーを用いてシャインマスカット特異的挿入多型を探索しました。また、特異的 DNA 多型の検出には、等温増幅反応である Loop-mediated Isothermal Amplification (LAMP) 法^{注2)}を利用しました。従来、遺伝子検査には PCR 法が多く用いられてきましたが、PCR が反応開始から終了まで 2~3 時間かかるのに対して、LAMP では 30 分程度で増幅が検出され、大幅な時間の短縮が可能となります。さらに、開発した識別法について、ISO13495^{注3)} および農林水産省の「DNA 品種識別技術の妥当性確認のためのガイドライン」^{注4)}等に則った妥当性確認^{注5)}を実施しました。

【結果および考察】次世代シーケンサーによる解析の結果、全体で、VINE1 は 94,648,193、Gret1 は 86,034,78、Tvv1 は 149,157,571 のリードが得られました。また、シャインマスカット特異的挿入多型として VINE1、Gret1 および Tvv1 において、それぞれ 4、2 および 1 カ所が見いだされました。このうち、VINE1 に着目し、最終的に VINE1-C1160 をシャインマスカット特異的マーカーとして採用しました。VINE1-C1160 について、レトロトランスポゾンとその近接配列の境界部分に LAMP プライマーを設計し、上記ブドウ 24 品種の葉から抽出した DNA を鋳型に検討したところ、反応開始後、10~15 分程度でシャインマスカット特異的増幅が確認されました（図 1）。また、実際の検査では、ブドウ果実が対象となる場合も想定されることから、ブドウ果実から果皮を採取し、ファスマック社の GenCheck® DNA Extraction Reagent を用いて粗抽出を行った結果、粗抽出液は LAMP の鋳型として使用可能であることが示されました（図 2）。さらに、簡易迅速性を追求するために、DNA クロマトによる検出を検討しました。DNA クロマトは、増幅の際に、プライマーに特殊なタグ配列と検出用ラベルをつけて反応させ、増幅産物をクロマト試験紙によって検出する方法であり、本研究では、株式会社 TBA によって開発された Single-stranded Tag Hybridization (STH) for Chromatography Printed-Array Strip (C-PAS)を導入しました。検討の結果、LAMP 反応はヒートブロックやウォーターバスといった安価な装置が利用可能であり、C-PAS による検出が可能であることが確認されました（図 3）。これにより、高額な装置を使用せず、目視で判定可能な系が確立されました。

本識別法について、ISO13495 および「DNA 品種識別技術の妥当性確認のためのガイドライン」（農水省）に基づいた試験室間共同試験を実施したところ、参画した 5 機関において偽陽性（別の品種をシャインマスカットと誤判定すること）、偽陰性（シャインマスカットを別品種と誤判定すること）は認められず、すべて同様の結果が再現されました。

本研究で開発したシャインマスカット識別法は、未知のブドウ試料がシャインマスカットであるか否か速やかに判定可能となります。試料の前処理から結果が得られるまでに要する時間は 1.5 時間程度であり、C-PAS を用いた場合には、高額な装置等を使用せず、目視による判定も可能です。今後、水際検査等での活用が期待されます。

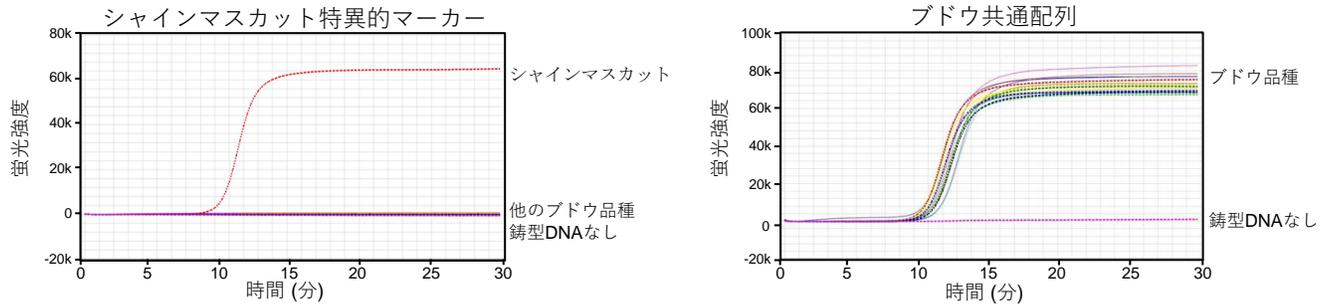


図1 等温増幅蛍光測定装置による、ブドウ 24 品種からの LAMP 増幅産物の検出結果。左側がシャインマスカット特異的マーカー、右側がブドウ共通配列を標的としたプライマーを用いた結果を示します。LAMP 反応は 65°C で 30 分間実施しました。

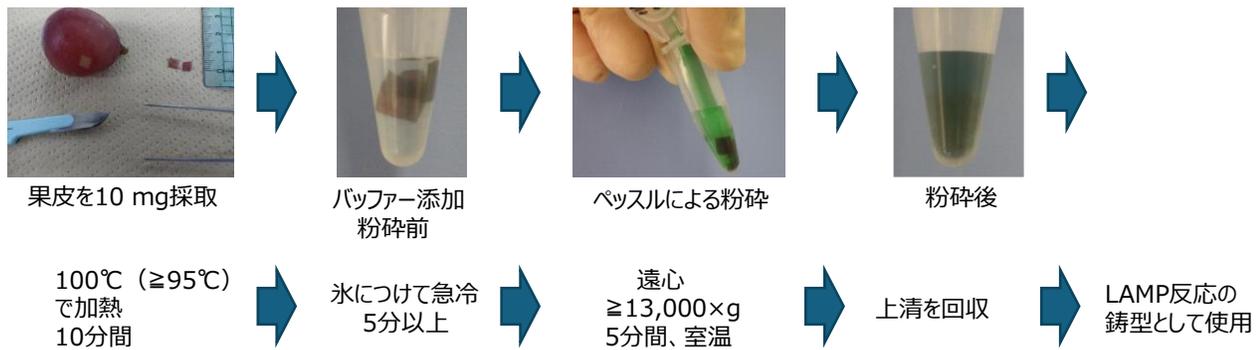


図2 GenCheck® DNA Extraction Reagent (ファスマック社) 用いた簡易抽出 (写真のブドウはピオーネ)。

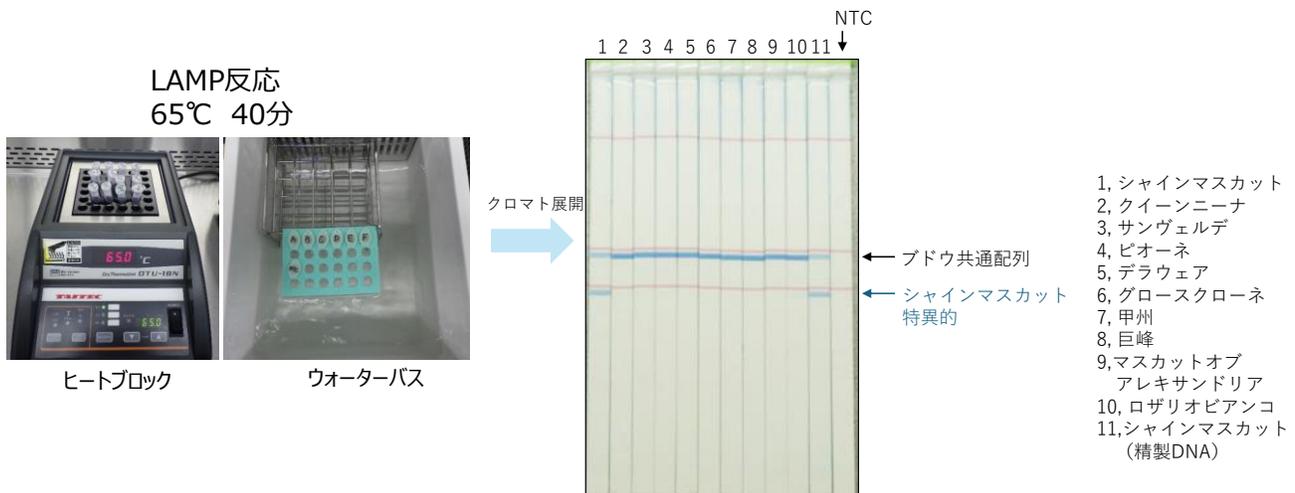


図3 DNA クロマト (C-PAS) による、LAMP 増幅産物の検出結果。

6. 発表雑誌

Breeding Science 印刷中

7. 謝辞

本研究は農林水産省・みどりの食料システム戦略実現技術開発・実証事業（品種識別技術の開発）により実施されました。

8. 問い合わせ先

〒305-0842 茨城県つくば市観音台2丁目1-12

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構

食品研究部門 食品流通・安全研究領域 食品安全・信頼グループ

Tel: 029-838-7369

高畠令王奈 reona@affrc.go.jp

9. 用語解説

注1) レトロトランスポゾン

真核生物のゲノム中に存在する転移性 DNA 配列トランスポゾンの一種。レトロトランスポゾンは転写、逆転写を介して転移する。レトロトランスポゾン配列はゲノム全体に散在しており、品種間で異なる位置に挿入されているレトロトランスポゾンおよびその近接配列は DNA マーカーとして利用可能である。

注2) LAMP

Loop-Mediated Isothermal Amplification、標的遺伝子を4あるいは6種類のプライマーセットを用いて鎖置換反応を利用し、一定温度で増幅させる方法。等温反応であることからPCRと比べて増幅反応が早く、より安価な機器が利用できる。

注3) ISO13495

「分子生物指標の分析－特異的核酸分析を用いた品種同定法の選定、及び妥当性確認のための指針」品種識別技術における妥当性確認のためのガイドライン等が記されている国際規格。ISO13495においては、試験室間共同試験の最低必要条件として、4試験室および5品種と記載されている。

注4) DNA 品種識別技術の妥当性確認のためのガイドライン

農林水産省輸出・国際局知的財産課によって公表された妥当性確認のためのガイドライン
https://www.maff.go.jp/j/kanbo/tizai/brand/b_syokubut/attach/pdf/index-111.pdf

注5) 妥当性確認

分析法の持つ能力を、実際に行う分析操作を一組として確認すること。Codex Alimentarius Commission（国際食品規格委員会）では、食品の輸出入の規制に係わる試験所の条件として、妥当性確認された分析法を用いることを挙げている(CAC/GL27-1997)。

1. 話題

急速に進化する生成 AI を活用した点群構築について植物を用いて検証

2. 講演タイトル

P010 植物三次元再構築における生成 AI の有効性の検証

3. 発表者

○兒玉 晋洋, James BURRIDGE, Pieter BLOK, 郭 威(東京大学)

4. 発表概要

- 植物の三次元フェノタイピングは、植物科学と育種研究において注目されていますが、従来の SfM/MVS 手法では植物特有の細い茎や薄い葉の構造を正確に再構築することが困難でした。
- 本研究では、NeRF や 3D Gaussian Splatting などの最新の生成 AI 技術を活用した三次元点群構築手法を植物に適用して検証しました。評価には撮影画像とレンダリング画像間の領域一致度を指標として用い、定量的な比較を行いました。
- 生成 AI 技術を用いて構築した植物の点群データは、従来手法では捉えにくい細く薄い構造を高い精度で表現できることが明らかになりました。さらに、新手法は植物の節や茎の分岐などの重要な形態的特徴の自動抽出にも活用できます。
-

5. 発表内容

【背景】近年、植物科学の進展に伴い、遺伝子機能の解明に向けて植物の微細構造や成長過程の変化を高精度かつ連続的に時系列データとして取得する要求が急速に高まっています。従来、このような形態情報の取得は手作業による測定や対象を切断・分解する破壊的手法に依存していたため、データ収集の頻度や網羅性に大きな制約がありました。しかし、デジタル計測技術の発展により、植物形態の自動かつ非破壊的な計測が現実のものとなり、特に RGB カメラ画像を活用した「フォトグラメトリ」*によって三次元点群データを構築し分析する手法が注目されています。この技術の中核をなす Structure from Motion (SfM) および Multi-View Stereo (MVS)* のアルゴリズムは、土木、建築、文化財保存など多様な分野で広く応用されています。しかしながら、これらの手法を植物に適用する際には特有の課題が生じます。すなわち、植物特有の細い茎構造や薄い葉の形状で、三次元再構築の精度が低下し、重要な構造情報が欠損してしまうことが大きな問題でした。これに対処するため、アルゴリズムの最適化や多数のカメラを同期させて撮影時間を短縮するなどの工夫が試みられてきましたが、完全な解決には至っていませんでした。この技術的限界を打破する可能性を持つのが、近年急速に発展している生成 AI 技術です。特に Neural Radiance Fields (NeRF) * や 3D Gaussian Splatting (GSplat) * といった新しいアプローチは、物体の視覚的表現を学習し、

従来手法とは根本的に異なる原理で三次元再構築を実現します。これらの技術は複雑な光の相互作用や微細構造の表現に優れており、植物の三次元再構築における新たな可能性を開くものと期待されています。図1にこれら三種類の手法により構築された植物の例を示します。本発表では、従来の MVS 手法と最新の生成 AI 技術である NeRF の一種である nerfacto および GSplat の一種である splatfacto を用いて生成された植物の点群データを比較し、それぞれの特性と植物フェノタイピング（形態データ取得）における有効性を定量的に評価しました。

【方法】 三次元データとして再構築するデータには図2のような鉢植えの大豆(圃場から移植)、プランター植えのトウモロコシ、鉢植えの観葉植物、圃場の大豆を用意し、市販のカメラを使用し手持ちで撮影しました。対象物の周囲にランダムドットパターンを持った柱を設置することで、SfM の精度向上を狙いました。点群構築では市販ソフトウェアやフリーウェア等の一般に公開されているものを使用し、特殊な手順は行わずに構築することで誰でも同様なことが行えるようにしました。GSplat による点群は、その仕組み上、疎の点群を生成しますが、この出力点群に 3DGS to PC を使用して密の点群を作成しました。点群構築精度の比較には、点群をある写真と同じ撮影アングルとなるようにレンダリングした画像と、元の写真に対してセグメンテーション*を行った画像の重なり具合を比較する指標である Qseg 値*と Sr 値*を用いました。図3に構築と評価の流れを示します。

【結果】 各データからいくつかの画像を選んで、各方法の Qseg 値と Sr 値を比較した結果を図4に示しています。室内においては、どの方式においてもおおよそ 80%以上であり、構築された点群が実物を良く表していると言えます。特に NeRF による点群は安定した構築ができています。一方 GSplat による点群の評価値にはばらつきがあります。圃場の若株の大豆の例では $Qseg(roi1,MVS) = 20.5\%$ 、 $Qseg(roi1,NeRF) = 57.1\%$ 、 $Qseg(roi1,GSplat)=41.3$ 、 $Sr(roi1,MVS) = 23.5\%$ 、 $Sr(roi1,NeRF) = 75.0\%$ 、 $Sr(roi1,GSplat)=49.1$ となり NeRF の再現率が良い事がわかります。ただし Qseg 値と Sr 値の差が若干大きくなっており、ある程度誤差を持って構築されていることが示唆されました。これは、風などの悪影響を含めて誤差のある程度許容することで点群構築していることと考えることができます。また、GSplat についてはパフォーマンスにばらつきがありましたが、これは構築時のパラメータを固定したためと考えられ、パラメータ調整で精度を向上できると考えられます。これらの新たな手法で構築した点群は、細く小さな枝や葉などに起因する欠けを持たず、それらのつながりを示していました。このことは屋外でのフェノタイピングの迅速化に貢献すると考えられます。

これまで細かい植物の三次元再構築は、室内などの整った環境で行われていましたが、生成 AI を使用すると屋外でも特別なテクニックを使用すること無く点群構築できるため、より様々な環境で点群構築を活用することが可能になりそうです。

6. 発表雑誌

準備中

7. 注意事項

無し

8. 問い合わせ先

東京大学大学院農学生命科学研究科

附属生態調和農学機構 フィールドフェノミクス寄附講座

兒玉 晋洋；郭 威

〒188-0002 東京都西東京市緑町1-1-1

E-mail : kkodama@g.ecc.u-tokyo.ac.jp; guowei@g.ecc.u-tokyo.ac.jp

Tel : +81-70-6442-9514

9. 用語説明

* フォトグラメトリ (Photogrammetry、写真測量法)

写真情報から対象物の位置関係等の三次元情報を抽出する方法

* Structure from Motion/Multi View Stereo (SfM/MVS)

複数の画像間で同様の物を写している部分を検知し比較することで、画像が撮影された相対的な位置や、レンズの歪み等を推定する技術並びに、画像の組み合わせから点群を構築する技術

* 生成 AI (Generative AI)

コンテンツを学習し、新たなコンテンツを生み出すことができる AI

* Neural Radiance Fields (NeRF)

撮影位置が分かっている画像データセットを訓練することで、撮影していないアングルからの画像を生成 (レンダリング) できる AI です。点群出力は結果の一部を使用しています。本内容では Python (Anaconda3) に `nerfstudio` をインストールして訓練を行いました。

* 3D Gaussian Splatting (GSplat)

NeRF と同様に撮影位置が分かっている画像データセットを使用して訓練することで、未撮影のアングルからの画像を生成する技術ですが、こちらはレンダリングするための三次元情報を別ファイルに出力して使用しています。レンダリングは従来の CG で使用される技

術を使用しているため非常に素早くレンダリングできます。本内容では Python (Anaconda3)に nerfstudio をインストールし、splatfacto を使用して訓練を行いました。

* セグメンテーション(Segmentation)・アノテーション(Annotation)

対象を領域で区切り、目的の物を抽出することです。本内容では、写真内の植物等の比較したい部分を囲むことで、対象の範囲を明確にしました。このデータに葉や枝などのラベルを付けることをアノテーションと呼びますが、今回はラベルは使用していません。

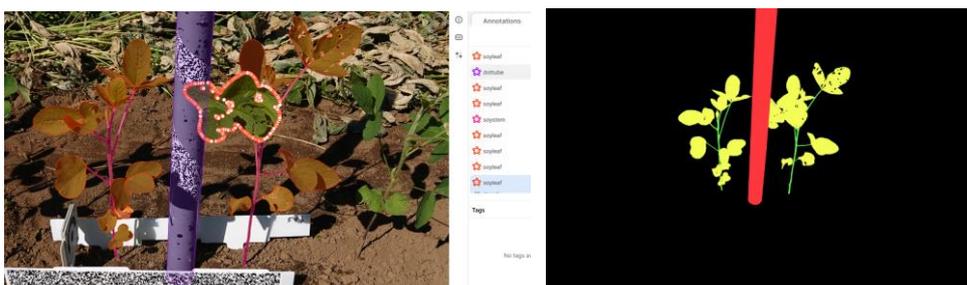


図. アノテーション用アプリケーションを使用してセグメンテーションとアノテーションを行い対象領域を抜き出している例。

* Qseg 値と Sr 値

どちらの値も写真に写った対象の領域と再構築された領域の重なり具合を表す値です。どちらも 0-1(0%-100%)の値をとりますが、ずれた部分があると Qseg 値の値が Sr 値より小さくなる傾向があります。

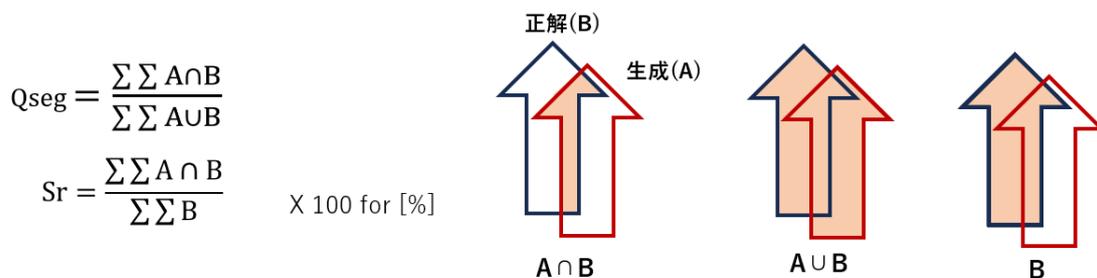


図. Qseg、Sr 値の定義。図中では A が生成された点群を使用して作成された画像の植物領域、B が元の写真をアノテーションして作成した植物領域を表す画像を示します。両値はオレンジ色で定義される範囲を使用して導かれます。

10. 図表

鉢植え観葉植物の点群比較例

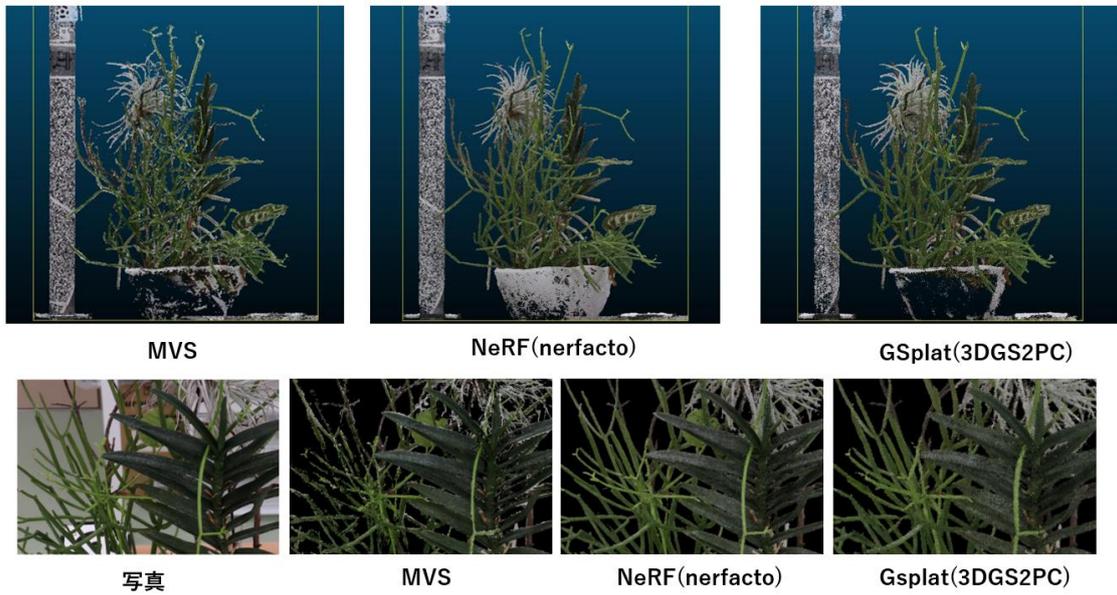


図1, MVS、NeRF、GSplat を利用した観葉植物の点群構築の比較例



図2, 用意した植物。鉢植え大豆(a) プランター(b) 観葉植物(c) 圃場の大豆(d)

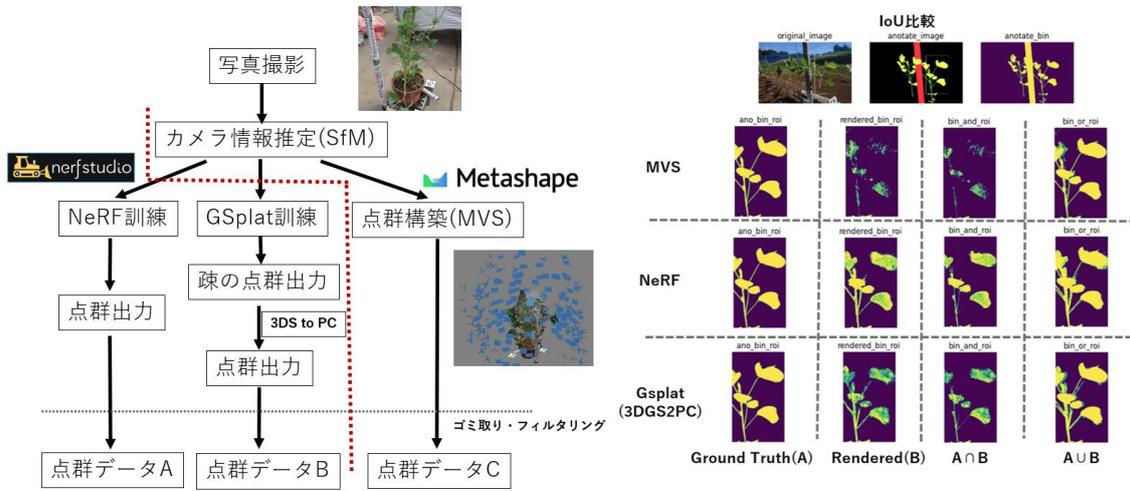


図3, 点群構築の流れと写真と点群画像の比較例

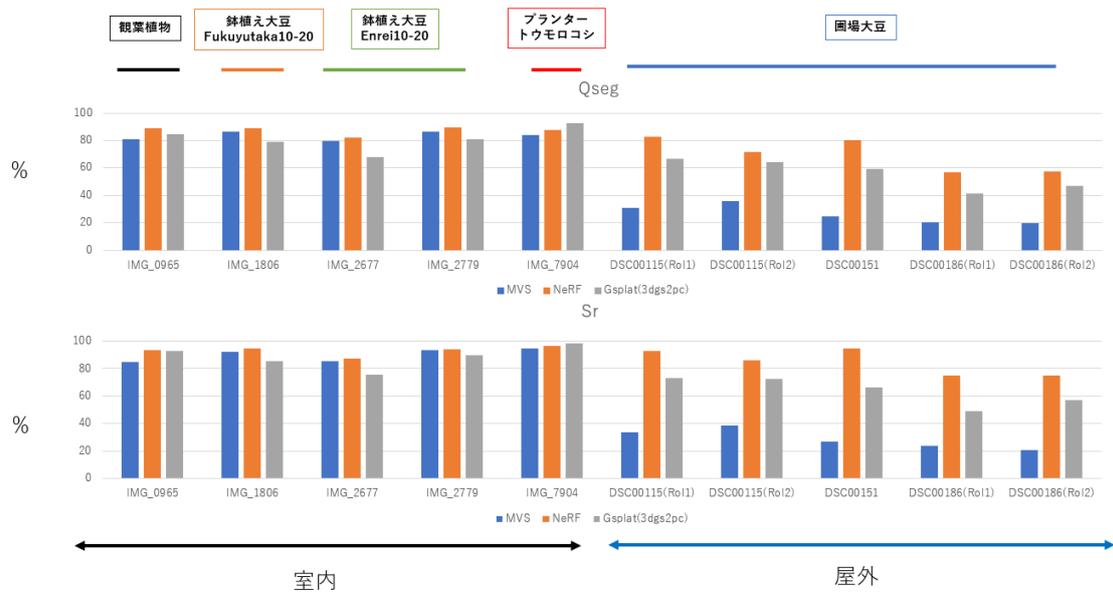


図4, Qseg, Sr の比較例