

# 遺伝的プログラミングを応用した いもち病認識パラメータの自動生成

佐々木豊\*・田島 淳\*

(平成 19 年 2 月 23 日受付/平成 19 年 6 月 8 日受理)

要約: 日本の主要作物は米であり, その早期の病害検知は重要といえる。しかしその自動診断において, イネは葉が細いため病斑を検知することは非常に難しい。本研究では, 米にとって甚大な被害をもたらすいもち病を対象に, その検知手法を検討した。具体的には, 先ず仮想水田空間を構築して画像を取得した。次に認識された背景といもち病を識別するパラメータの自動生成手法を開発した。この手法では形状特徴量を組み合わせる遺伝的プログラミング (GP) を導入し, そのアルゴリズムの改良, 性能評価を行った。

キーワード: 遺伝的プログラミング, 植物診断, いもち病, 仮想空間, 画像認識

## I. 緒 言

稲作にとって自然災害以外での主要被害は, いもち病, 紋枯病, 虫害 (ニカメチュウ, ウンカなど) によるものである<sup>1)</sup>。特にいもち病は昭和 60 年から平成 16 年では, 年間平均 261,550 トンの被害を与えており, 病虫害の中で 6 割弱を占めている (図 1)。従って, これに対する早期検知・防除が非常に重要と言える。

いもち病とは, いもち病菌の寄生によって起きる病気である<sup>2)</sup>。胞子によって空気感染し, 特に気象条件によって感染は大きく左右され, 気温と降水が重要な要素となる。イネの品種によっても発病に違いがあり, コシヒカリなどが最も弱く, 日本晴, 五百万石などは中程度, みほひかり, ヒメノモチ, ヤシロモチは強い。いもち病は様々な生育ステージにおいてイネの各部位に発生し, その発生の部位により, 苗いもち, 葉いもち, 穂いもちなどがあるが, 特に葉いもち病の検知が重要である。葉いもち病は病勢が進展してからでは十分な防除効果を得るのが難しくなるので初期対応が不可欠といえる。

これまで我々は, 共生型社会の実現を目指し, 精密農法や街路樹管理を想定した植物の自動診断技術を検討してきた<sup>3,4)</sup>。特にアクティブセンシングを想定し, OpenGL を用いた汎用型の 3 次元コンピュータグラフィックシミュレーションシステム (以下, 3DCG シミュレータ) を構築して仮想空間上で植物の認識を行った<sup>5)</sup>。今回は仮想空間上でイネを対象とした植物病害の検知を検討する。特にイネは葉が細いことに加え, イネ群落を対象とした画像認識は非常に複雑で難易度が高いため, 葉, 土, 病斑部の識別器の構築は大きな課題といえる。

以上より本論文では, イネ群落におけるいもち病認識を最終目標に, 画像認識された土・いもち病斑画像から形状情報に着目した識別器の自動生成手法を開発する。具体的

には, 形状特徴量を組み合わせる遺伝的プログラミング (以下, GP) を導入し, そのアルゴリズムの改良, 識別性能評価を行った。

なお, 近年コシヒカリ新潟 BL のようにいもち病に耐性のある品種が開発されているが, 病虫害も常に進化するため, 今後も植物診断の重要性は変わらないと考える。また, いもち病に関しては各県で発生予察業務が整備されている。いもち病の発生予察の方法としては, 病害虫防除所の職員による巡回調査とイネの生育状況調査のほか, アメダス気象データの利用による感染好適日の判定, シミュレーションなどの方法がある。本研究の技術はこの職員や農家による巡回調査に代替するものであり, 将来的には現在研究開発が進められているアメダス気象データを用いた発生予想シミュレーションなどと組み合わせることを想定する。

## II. 形状特徴量と遺伝的プログラミング

本章では, ラベリング後のいもち病斑部と背景 (土) の識別に用いた形状特徴量と GP, 改良した GP について説明する。

### (1) 形状特徴量

画像認識とは, 2 値画像から連結した画素に同じ番号をつけるラベリングを実施し, 抽出されたオブジェクトの大きさや形状情報 (形状特徴量) を用いて識別することを指す。本研究で検討した形状特徴量は次の 5 つであり, 特に正規化 2 次重心モーメント, 円形度, Heywood diameter を式 (1) に示す。これらは一般的に用いられる形状特徴量である。本論文では, 以下の  $P_1 \sim P_5$  を基本パラメータと呼ぶこととする。

$P_1$ : 実面積 (オブジェクトの画素数)

$P_2$ : 正規化 2 次重心モーメント ((1) 式参照)

\* 東京農産大学地域環境科学部生産環境工学科

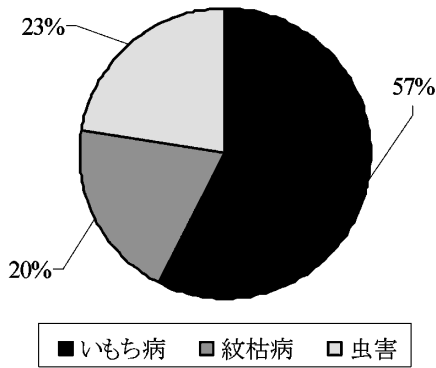


図1 イネ病虫害の内訳 (S60~H16の平均)<sup>1)</sup>

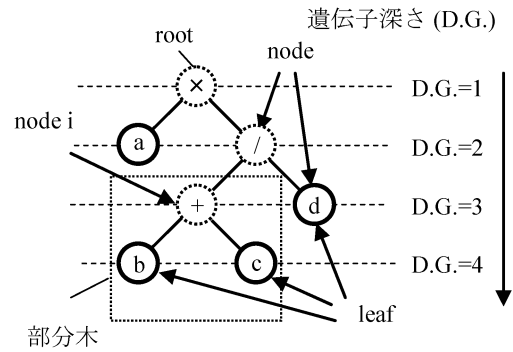


図2 数式の木構造表現の例

$P_3$ : 周囲長 (オブジェクトの輪郭線の画素数)  
 $P_4$ : 円形度 (形状の複雑さの指標, (1)式参照)  
 $P_5$ : Heywood diameter ((1)式参照)

$$P_2 = \frac{2\pi}{m_{00}^2} \cdot (M_{02} + M_{20})$$

$$P_4 = 4\pi \cdot P_1 / P_3^2 \tag{1}$$

$$P_5 = \sqrt{4 \cdot P_1 / \pi}$$

なお、 $m_{00}$  は面積、 $M_{02} + M_{20}$  は注目オブジェクトの2次重心モーメントを指す<sup>6,7)</sup>。

(2) 遺伝的プログラミング

基本パラメータを組み合わせてより識別能力の高いパラメータを自動的に構築できると、診断システムの高度化につながる。そこで、複数の基本パラメータを組み合わせる手法として、本研究ではGPを用いた手法を導入した。GPとは遺伝的アルゴリズム (以下、GA) と同じく、自然淘汰と遺伝子変異の仕組みを構造的表現 (グラフ構造、木構造、プログラム) 分野に応用した手法である。GAと同様の進化の機構を用いて構造的表現を自動的に生成することを目的とする。すなわち、GPはGAの遺伝子型を拡張して構造的表現を扱えるようにしたものである<sup>8)</sup>。

本研究では、一般的な数式が木構造で表現できることから、GPで基本パラメータを組み合わせて数式表現し、識別能力の高い新たなパラメータを作成する。この作成されたパラメータをGPパラメータと定義する。これにより、事前に知識がなくても診断に適した識別器を自動生成することが可能である。数式表現には2分木と呼ばれる各節から出る枝が2本以下のものを使用する。数式の木構造表現の例を図2に示す。これは(2)式と等価である。

$$a \cdot (b + c) / d \tag{2}$$

図2の丸はnodeを表し、末端のnodeであるleafを変数名とし、leaf以外のnodeを演算子とすることにより、数式が2分木で表現できる。また遺伝子深さ (D.G.) を深くすることで、より複雑な数式を表現することが可能となる。

本研究では次の方法によりGPを実現した。

- 1) 遺伝子: 木構造表現した数式

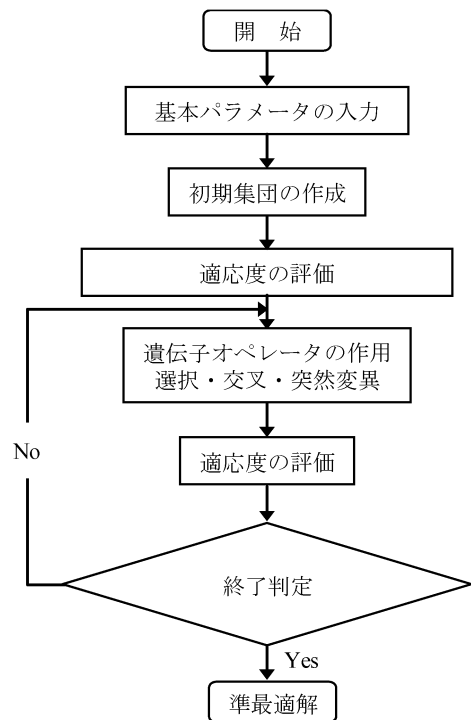


図3 GPのフローチャート

- 2) 世代交代方法: エリート主義戦略を基本とするGAと同様のもの
- 3) 交叉方法: 任意遺伝子深さにおける一点交叉
- 4) 適応度: カテゴリー間の識別指標 (Distinction Index, 以下  $D.I.$ ) (後述する(5)式)

leaf以外のnodeでは四則演算か、べき乗指数 (本研究では $\pm 1, 2, 3, 0.5, 0.33$ ) のいずれかをとる。

図3に一般的なGPのフローチャートを示す。図3の遺伝子オペレータの作用において、図2に示したランダムなnode  $i$  で交叉・突然変異が行われる。交叉とは、選択した2遺伝子の部分木をnode  $i$  で入れ替えることを示し、突然変異とは、ランダムにnodeやleafの値を変更する操作を意味している。

- 3) 多様性に着目した遺伝的プログラミング  
 これまでの研究でGPは一定回数の世代交代を経ると構

造がよく似た遺伝子に探索集団が占有されてしまい、新しい遺伝子構造を持った個体が生成されにくくなる傾向があることが分かった。この状態になると、突然変異機能によって高い適応度を持つ遺伝子が偶発的に出現することを期待するしかなかった。この問題を改善するために、本論文では探索集団の多様性に着目して各遺伝子構造を監視し、その均一化情報を感知すると探索集団を大きく更新する GP アルゴリズムに改良した。これを SGRV\_GP とし、これによって作成された識別パラメータを SGRV\_GP パラメータと定義する。

本研究では、探索集団の最良遺伝子と他の遺伝子の遺伝子間距離（ノード間相違度）の総和を、多様性値と定義した。探索集団の多様性値を (3) 式に示す。

$$V = \frac{1}{N-1} \cdot \sum_{j=2}^N D_{g_{\max}, g_j} \quad (3)$$

ここで探索集団において、 $g_{\max}$  : 最大適応度を持つ最良遺伝子、 $g_j$  :  $g_{\max}$  以外の遺伝子とする。また、 $N$  : 探索集団の遺伝子数、 $D_{g_{\max}, g_j}$  :  $g_{\max}$  と  $g_j$  とのノード間相違度と定義する。すなわち、 $g_{\max}$  を基準として他の遺伝子  $g_j$  がどれだけ違うのかを求め平均したものである。従ってこれは最良遺伝子  $g_{\max}$  に対する探索集団の平均距離を示し、(3) 式が大きければ解候補が解空間に広がっていることを示し、逆に小さければ最良遺伝子  $g_{\max}$  付近に探索集団が収束していることを示す。

図 4 に SGRV\_GP のフローチャートを示す。SGRV\_GP は、まず初期集団を設定条件（遺伝子数や遺伝子深さ）に基づき、入力した基本パラメータを組み合わせて数式を構築する。次に初期集団に含まれる各遺伝子に対して  $D.I.$  による適応度評価<sup>3,4)</sup> を行ってソートし、更に初期集団の多様性値を算出する。この適応度評価の結果に基づき、選択・淘汰、交叉などの遺伝子操作を実行し、次世代の探索集団を作成する。このように適応度評価に加えて多様性値を算出し、もし多様性値が一定世代に亘って設定した基準より小さな変化であったら探索集団が均一化しているとみなし、少数の優良遺伝子を除いて集団を更新する。また均一化していなければ遺伝子操作により集団の世代交代を行う。本研究では 5 世代に亘り多様性値が 2% 以内の変化であれば、優良遺伝子 2 個を除き、他の個体はランダムに作成し直して集団を更新することとした。この操作を、終了条件を満たすまで続け、準最適解を探索する。遺伝子数を 1,000、世代交代回数を 200、遺伝子深さ 5 とし、GP と SGRV\_GP の終了判定は設定世代交代回数を満たすか、十分大きな適応度 ( $D.I.$  が 5 より大) になったかで判断した。

### III. 実験方法

#### (1) 仮想水田空間の構築

これまで構築した 3DCG シミュレータ<sup>5)</sup> を改良し、仮想水田空間を構築した (図 5)。基本構成要素は、仮想空間、植物オブジェクト、ロボットマニピュレータ、カメラセンサである。仮想空間では白色・平行光源を設定した。植物オブジェクトは Xfrog (greenworks 社) を用いてイネオブジェクトを作製し、3D フォーマットコンバータ Poly-

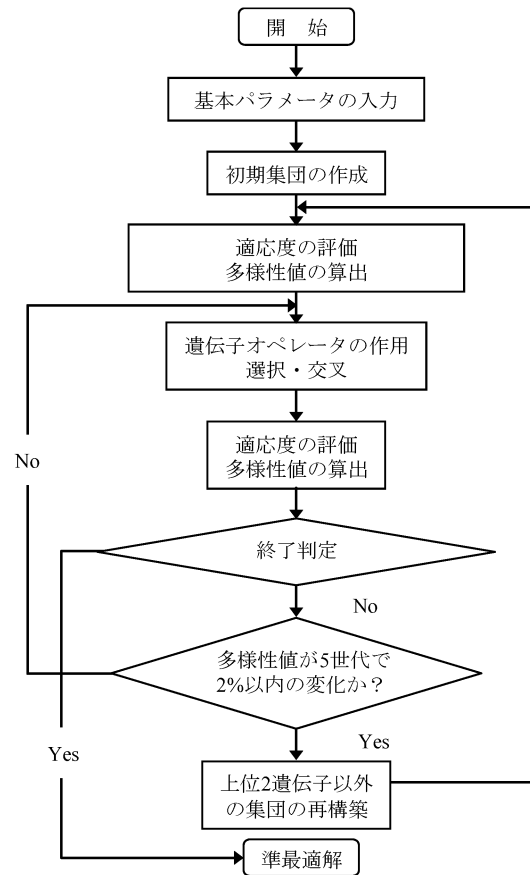


図 4 SGRV\_GP のフローチャート

Trans (Okino Computer Graphics 社) で C-code に変換してシミュレータに組み込んだ。OpenGL ではカメラの視点・注視点を設定できることから、エンドエフェクタにカメラセンサを想定した機能を付加した。カメラセンサからは RGB 画像を取得することが可能である。

また実際の水田の土やいもち病の画像を仮想空間にテクスチャマッピングで導入した。テクスチャマッピングとは、3DCG で物体の表面の質感を表現するために画像を貼り付けることを指す。任意の曲面を実現できる長方形オブジェクトを用意し、これに実際の葉いもち病画像をマッピングした。いもち病画像は葉以外を表示させないように、通常の RGB 情報以外に  $\alpha$  値をフォトショップエレメント (アドビ社) で与えた。 $\alpha$  値は透過度情報を示し、完全な透明から不透明まで設定することができる。この情報を用い、OpenGL の  $\alpha$  テスト機能を使用して葉以外は透過させた。イネオブジェクトを 5 本で 1 株とし、5 株用意した。その中央の株のうち 1 本のイネオブジェクトの葉 1 枚にいもち病画像をテクスチャマッピングで貼り付けた (図 5)。今回慢性型葉いもち病を対象とした。葉いもち病画像は宮城県病害虫防除所から提供していただいた。

#### (2) アクティブセンシングによる画像取得と前処理

イネ群落内のいもち病検知は非常に難易度が高いため、本研究ではいもち病を持つイネ株に着目できたことを前提



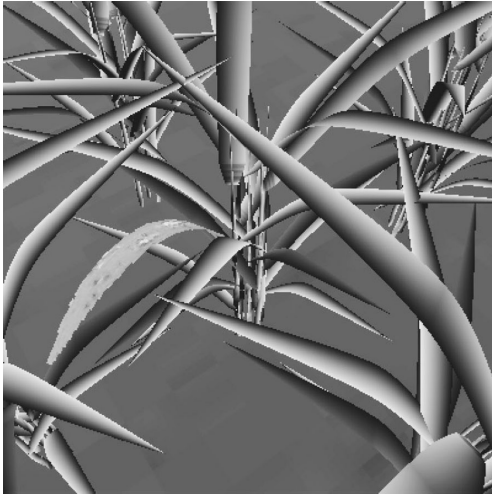


図 5 仮想水田空間

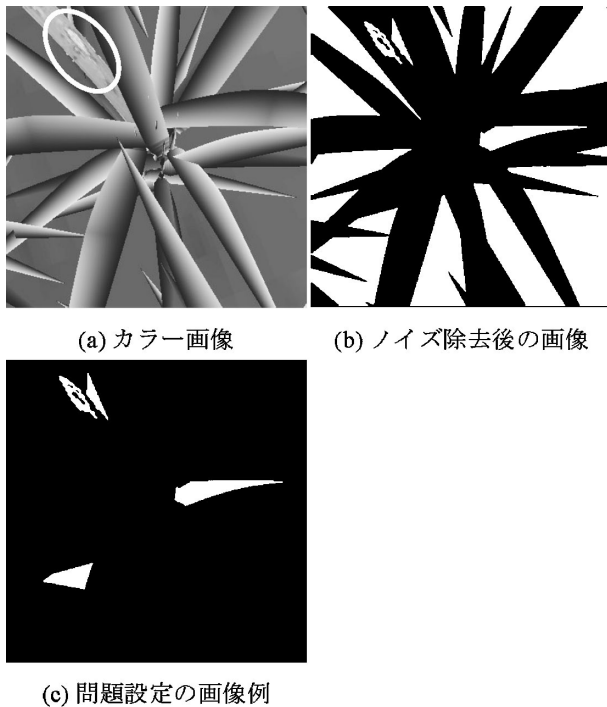


図 6 いもち病の画像取得と前処理

に、その中央付近にカメラセンサの注視点を固定した。極座標系において仰角  $\varphi = 80, 90^\circ$  の場合に方位角  $\theta$  を  $20^\circ$  ずつ変化させてカメラセンサの位置と姿勢を能動的に推移させるアクティブセンシングを行い、36 枚の画像を取得していもち病斑部の検出をシミュレーションした。カメラセンサの姿勢は位置と注視点から自動的に決定される。ズームは着目するイネ株が大半を占め、隣接するイネの影響は受けてもその割合が小さい近接からのセンシングを想定して設定した。

図 6 はいもち病認識アルゴリズムの前処理を適用した例である。(a) はカメラセンサから取得した RGB カラー画像であり、円内にいもち病を視認できる。(b) は G 成分抽

出後、画像反転、メディアンフィルタ処理<sup>7)</sup>、画像補正、面積によるノイズ除去を行った後の画像である。この時点で白画素には葉以外の背景である土と病斑部などが含まれており、非常に識別が困難であることが分かる。本研究ではこれらから病斑部を抽出しやすくするために、開口背景除去処理を提案し実施した。開口背景とはカメラ画面から切れた白画素グループを指している。その結果が (c) である。この時点でも病斑部と、葉と葉に囲まれた土が認識されている。本論文では (c) のような処理画像 36 枚を対象に、病斑部と背景 (土) の識別を検討した。

(3) 評価方法

構築した識別器の評価にノンパラメトリックな手法である全標本学習法 (以下、R-法) と、相互較正した分割学習法 (以下、H-法) を使用した<sup>9)</sup>。R-法は全サンプルを学習標本とテスト標本に使用して誤り割合を算出するものである。以下、R-法で算出した誤り割合を  $P_{eR}$  とする。次に H-法は、学習標本とテスト標本を入れ替えて平均し、誤り率を求めるものである。学習標本で分類器を設計し、テスト標本でテストする際に求められる誤り率を  $\hat{P}_{eH(\alpha)}$  とする時、(4) 式で誤り率を求める (K: 試行回数)。

$$\hat{P}_e = \frac{1}{K} \sum_{\alpha=1}^k \hat{P}_{eH(\alpha)} \tag{4}$$

本研究では、ランダムに学習標本とテスト標本に 2 分割して評価し、この操作を 1,000 回繰り返した平均値を誤り割合として算出した。以下、H-法で算出した誤り割合を  $P_{eH}$  とする。

また、GP の性能比較には、適応度でもある  $D.I.$  も使用した ((5) 式)。 $D.I.$  はカテゴリー間の分散も考慮した識別指標の一つであり、計算量が  $P_{eH}$  などと比較して少ないため、簡易指標として用いられる<sup>3)</sup>。

$$D.I. = \frac{|\mu_{\omega_1, x} - \mu_{\omega_2, x}|}{\sqrt{\sigma_{\omega_1, x}^2 + \sigma_{\omega_2, x}^2}} \tag{5}$$

ここで、 $\mu_{\omega_i, x}$ 、 $\sigma_{\omega_i, x}^2$  はそれぞれのカテゴリー  $\omega_i$  における平均と分散を示している<sup>3)</sup>。

具体的には、識別するカテゴリーは 2 つであり、 $\omega_1$ : 前処理後に抽出されたいもち病斑部、 $\omega_2$ : 背景 (土) に該当する。36 枚のアクティブセンシング画像からラベリングされたいもち病斑部 30 個、背景 (土) 画像 78 個がそれぞれ抽出でき、これより  $P_1 \sim P_5$  の各形状特徴量、更には  $P_1 \sim P_5$  を用いて GP パラメータと SGRV\_GP パラメータを算出し、 $D.I.$ 、 $P_{eR}$ 、 $P_{eH}$  で評価した。すなわち、上記の  $\mu_{\omega_i, x}$ 、 $\sigma_{\omega_i, x}^2$  は  $P_1 \sim P_5$ 、GP パラメータ、SGRV\_GP パラメータの、 $\omega_1$  と  $\omega_2$  の平均と分散をそれぞれ示している。

IV. 実験結果

(1) 形状特徴量による識別結果

まず、基本パラメータの識別結果を表 1 に示す。 $P_1$ 、 $P_2$ 、 $P_3$ 、 $P_5$  はほぼ同様の識別能力を有しており、 $P_4$  だけ識別能力が低かった。 $P_{eH}$ 、 $P_{eR}$  双方より  $P_1$  が一番識別しやすいと考える。全体的に  $P_{eH}$  では識別誤差割合は 40% 前後より大

表 1 基本パラメータ (形状特徴量) による識別結果

	<i>D.I.</i>	<i>P<sub>eH</sub></i> (%)	<i>P<sub>eR</sub></i> (%)
<i>P<sub>1</sub></i>	0.85	40.5±14.2	25.9
<i>P<sub>2</sub></i>	0.80	41.9±5.0	43.5
<i>P<sub>3</sub></i>	0.87	43.6±16.0	55.6
<i>P<sub>4</sub></i>	0.52	68.9±3.8	71.3
<i>P<sub>5</sub></i>	0.83	37.7±12.5	50.9

大きく、既存の形状特徴量のみでは識別能力が低いことが判明した。

(2) GP と SGRV\_GP の性能比較

次に、上記の形状特徴量を GP で自動的に組み合わせた数式 (GP パラメータ) を示す。(6) 式は従来の GP, (7) 式は SGRV\_GP で自動生成された数式である。

また、探索時における適応度の向上値  $\Delta D.I.e-f$  と多様性値 (3) 式の推移を示したものを図 7 に示す。ここで  $\Delta D.I.e-f$  とは、各世代の遺伝子集団における最良遺伝子と、初期遺伝子集団における最良遺伝子の適応度の差と定義した。図 7 (a) より、SGRV\_GP は常に多様性値を監視し、探索集団が均一化すると集団を再構築するため、多様性値が周期的に大きく変動している。この機能に連動し、適応度の向上値  $\Delta D.I.e-f$  は世代交代回数に従って上昇していた。これに対して従来の GP では、ある程度遺伝子操作が終わると探索集団の多様性値は一定値に収束して似たような遺伝子グループになるため、 $\Delta D.I.e-f$  は SGRV\_GP と比較して向上していないことが分かった (図 7 (b))。

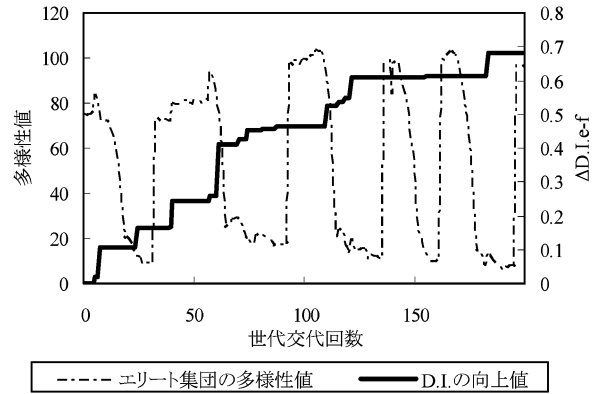
最終的に得られた最良遺伝子の適応度 *D.I.* と各識別誤差割合の比較を示したものが表 2 である。*D.I.* は識別誤差割合と完全な線形関係ではないが、基本的に *D.I.* が大きいほど識別誤差割合も小さく、SGRV\_GP では、*P<sub>eH</sub>* で 10% 強の識別誤差割合になった。このことから性能が向上していたと考える。コンピュータのスペックにも依存するが、探索時間において、多様性値を計算する分 SGRV\_GP の方が GP よりも時間がかかるが、現在の遺伝子深さ、遺伝子数であれば大きな差は無かった。

$$\frac{\sqrt{P_3} \cdot P_4 \cdot (P_2^2 \sqrt{P_4} - 1)^2}{\sqrt{P_1} \cdot P_2^5} \tag{6}$$

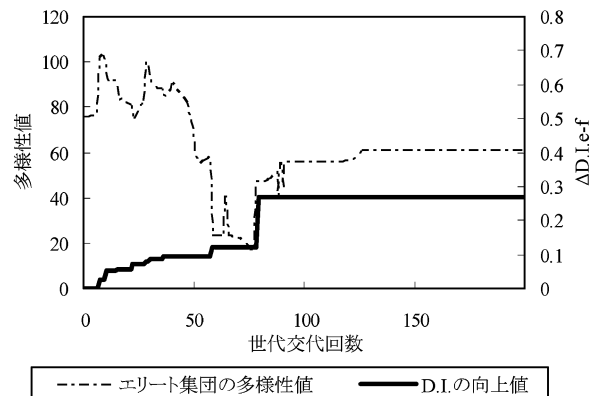
$$\frac{P_3 \cdot P_4 \cdot \{P_1 \cdot P_4 + P_2^2 \cdot (2P_3 - P_1 - P_5)\}}{P_2^2 \{P_1 \cdot P_3 \cdot P_4 \cdot (P_2 + P_5) + P_1 \cdot P_2\}} \tag{7}$$

(3) 画像処理結果例

SGRV\_GP パラメータを識別器として実際に正しく抽出されたいもち病斑部の識別結果を 2 例示す (図 8)。(a) が認識前の画像であり、(b) が正しく病斑部が抽出された識別結果の例である。この例からも分かるように、似たような大きさや形状を持つ病斑部と背景 (土) が識別されて



(a) SGRV\_GP



(b) GP

図 7 SGRV\_GP と GP の適応度向上と多様性値の推移

表 2 各識別パラメータの評価比較

	<i>D.I.</i>	<i>P<sub>eH</sub></i> (%)	<i>P<sub>eR</sub></i> (%)
<i>P<sub>1</sub></i>	0.85	40.5±14.2	25.9
GP	1.27	21.9±12.7	18.5
SGRV_GP	1.68	11.6±6.0	10.2

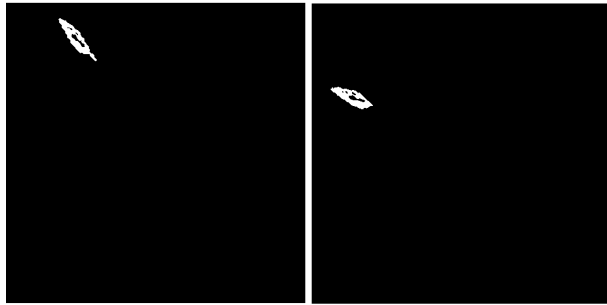
いることが分かる。病斑部が背景 (土) と誤認される場合は、センシング時に病斑部が葉に隠れて形状全体が視認できない場合だった。逆に背景 (土) がいもち病と誤認される場合は形状がよく似ており、SGRV\_GP パラメータの識別性能の限界によるものであった。

V. 結 言

本論文では仮想水田空間を構築し、アクティブセンシングを行って、イネ群落を対象としたいもち病検知を検討した。特に GP を導入した形状特徴量の組み合わせによる識別能力の高いパラメータの自動生成手法を提案し、いもち病斑部と背景 (土) の識別を行った。加えて従来の GP を改良して多様性値に着目した SGRV\_GP を開発し、識別



(a) 識別前画像例



(b) 識別結果画像例

図 8 病斑部の認識結果例

パラメータの性能向上を実現した。本シミュレーションでは10%程度識別誤差割合が減少していた。SGRV\_GPの有効性を示せた点より、本アルゴリズムは様々な分野に応用できると考える。

今回構築した手法はいもち病を持つイネ株を中心とした近接からのセンシングに対応していると考え、直ちに

現場で活用できる程完成度の高いものではない。今後の課題としては病斑部位置、圃場条件、病害ステージなどを考慮した条件下でのセンシングと識別を実現する必要があると考える。

謝辞：画像を提供していただきました宮城県病害虫防除所（辻 英明様）に厚くお礼申し上げます。

参考文献

- 1) 農林水産省：農林水産統計情報総合データベース：作物統計 米、水稲の被害、< <http://www.tdb.maff.go.jp/toukei/toukei>>, 2007年2月1日参照。
- 2) 高根県農業技術センターデータベースシステム、< <http://www2.pref.shimane.jp/nousi/home/database/disease/in008.htm>>, 2007年2月1日参照。
- 3) 佐々木豊・岡本剛男・芋生憲司ら：GPによる植物病害の自動診断用識別パラメータ作成, 農業機械学会誌, 61(6), pp. 73-80, 1999.
- 4) SASAKI, Y. and M. SUZUKI: AUTOMATIC DIAGNOSIS OF PLANT DISEASE FOR PRECISION FARMING, Ag-Eng 2004 Conference Engineering the Future Book of Abstracts Part 1, pp. 290-291, 2003.
- 5) 佐々木 豊・鈴木正壯：アクティブセンシングによる植物診断を想定した3DCGシミュレータの開発, 農業情報研究, 15(2), pp. 173-182, 2006.
- 6) 谷口慶治編：画像処理工学 応用編, 共立出版社, pp. 71, 1999.
- 7) 井上誠喜他：C言語で学ぶ実践画像処理, オーム社, 1999.
- 8) 伊庭育志：遺伝的プログラミング, 電機大出版局, pp. 13-42, 1996.
- 9) 鳥脇純一郎：認識工学—パターン認識とその応用—, コロナ社, pp. 141-157, 1993.

# Automatic Generation of Rice Blast Recognition Parameter Adapting Genetic Programming

By

Yutaka SASAKI\* and Kiyoshi TAJIMA\*

(Received February 23, 2007/Accepted June 8, 2007)

**Summary** : The principal crop in Japan is rice and the early detection of disease is very important. However, because the leaves of the rice plant are very thin, it is extremely difficult to detect symptoms in an automatic diagnosis for plant disease. This study examined techniques for detecting rice blast, which causes serious damage to rice. Specifically, a virtual rice field was constructed and images were acquired first. Next an automatic generation technique for parameters that distinguish between recognized background and rice blast was developed. Genetic programming (GP) that combines shape features was introduced into this technique, and improvement and performance evaluation of the algorithm were carried out.

**Key words** : Genetic programming, Plant diagnosis, Rice blast, Virtual space, Image recognition

---

\* Department of Bioproduction and Environment Engineering, Faculty of Regional Environment Science, Tokyo University of Agriculture