

生育段階の異なるキクタニギクの 3次元小花配列の推定

酒井 柊斗^{1,a)} 内海 ゆづ子¹ 岩村 雅一¹ 米倉 崇晃² 中井 朋則³ 山内 大輔³
唐原 一郎⁴ 峰雪 芳宣³ 星野 真人⁵ 上杉 健太郎⁵ 小塚 俊明⁶

概要：植物の側生器官配列は分類や発生理解に重要であるが、成長に伴う花床形状の変化が小花配列に与える影響は明らかになっていない。そこで本研究では、成長に伴う花床形状と小花配列の変化の関係を明らかにすることを目的とし、CTで撮影された生育段階の異なるキクタニギク頭状花序を対象に、小花-花床接点の3次元位置推定と花床の3次元形状推定を行う。CTデータを花床中心軸まわりに回転させて切り出した断面画像から接点検出と花床領域抽出を行い、それらを3次元空間上で統合することで接点位置および花床形状を復元する。実験の結果、3次元の接点位置と花床形状を推定できることを確認した。

キーワード：micro-CT, 接点検出, YOLOv8, U-Net, 3次元復元

1. はじめに

植物では、茎頂メリステム（未分化細胞からなる成長組織）や花序メリステムの表面に、葉や花といった側生器官が順次形成される。その結果、多様な外形を作り出しつつ、葉や花を効率よく次々に生み出している。このような側生器官の空間的な並び方（葉序や花序パターン）は、種の特長や分類に利用されている [1, 2]。

側生器官の配置パターンを説明するために、これまで多くの数理モデルが提案されてきた。しかし、これらの数理モデルの多くでは、メリステムの形状を単純化し、円錐形や円柱形など一定の形状であると仮定している [3]。一方で、実際のメリステムは成長に伴って形状が変化する。そのため、メリステム形状の変化に伴う器官配置パターンの変化や、螺旋の維持に関する解析は限定的である。特に、メリステムが大きく変形した場合の側生器官の配置については、十分に理解されていない。

この問題を解決するためには、生育段階の異なる植物を解析の対象とする必要がある。まず、各段階におけるメリステム（花床）の3次元形状と側生器官（小花）の配置を、実データに基づいて計測する。次に、得られた結果を横断

的に比較し、成長に伴う変化を捉える必要がある。しかし現在のところ、花床が成長して形状が変化した場合に、小花の並びが3次元的にどのように変化していくかを、複数の成長段階にわたって定量的に解析した研究は存在しない。

そこで本研究では、成長によるメリステムの形状変化と側生器官の配置の関係を明らかにすることを目的とする。そのために、生育段階の異なるキクタニギクの頭状花序を対象として、側生器官である小花の並び（小花と花床の接点）の3次元位置を推定する。また、本研究は単一の生育段階に着目した先行研究とは異なり、成長初期の、生育段階が異なる複数の頭状花序サンプルを用いる。さらに、これらを発達段階に沿った時系列データとして扱うことで、花床の形状変化と小花接点の3次元的な並びの変化を解析する。

解析の方法は、松本らの手法 [4] で提案された、Computed Tomography (CT) ボリュームデータから花床中心を通るスライス画像を生成し、2次元断面上で検出した接点を3次元空間に復元する枠組みを踏襲する。本研究では、生育段階の異なるキクタニギクの複数サンプルに対してこの枠組みを適用し、断面画像上でYOLOv8^{*1}により小花と花床の接点候補を検出する。次に、検出結果を3次元に復元し、クラスタリングにより同一接点に由来すると考えられる点群を統合することで、接点の代表位置を推定する。さらに、U-Net [5] を用いて花床領域をセグメンテーションし、花床形状と接点配置を同一の空間上で可視化できるよ

¹ 大阪公立大学

² 東京大学

³ 兵庫県立大学

⁴ 富山大学

⁵ 高輝度光科学研究センター

⁶ 金沢大学

a) st24502t@st.omu.ac.jp

^{*1} YOLOv8: <https://github.com/autogyro/yolo-v8>

うにする。実験の結果、成長初期段階のように小花と花床の接点の境界が明瞭でない場合でも接点候補を安定して検出できること、および花床領域を高精度に抽出できることを確認した。これにより、生育段階の違いに伴う花床形状と小花配列の変化を比較することが可能となった。

2. 関連研究

植物の内部構造を壊さずに観察する手法として、X線 micro-CT を用いた 3 次元可視化が多くの研究で用いられている。たとえば、Tracy ら [6] は穀類を対象として、micro-CT 画像から花の内部構造を観察し、外観だけでは判断しにくい花の発達段階を非破壊的に判定する手法を示している。Mathers ら [7] は葉内部の組織構造を 3 次元的に再構成し、気孔や葉肉組織の配置を詳細に調べている。Liu ら [8] は種子や果実を CT 撮影し、形や体積などの形態的特徴を多数のサンプルについて効率よく計測する方法を報告している。これらの研究はいずれも、植物体内部の立体構造を非破壊で把握できるという点で、本研究と方向性を同じくする。しかし、多くは葉や種子などを対象としており、花床上に並ぶ小花との接点の位置を細かく取り出し、その 3 次元的な並び方を評価することは目的としていない。

植物における側生器官の配置パターンに関しては、葉序や花序の形成を説明する数理モデルも提案されている。Yonekura ら [2] は、多様な葉序パターンを包括的に生成できる数理モデルを示している。また、Klawe ら [3] は、植物細胞の運命転換を制御するシグナルにもとづく数理モデルを提案している。これらの研究は、植物器官の配置や形成過程を理論的に理解するうえで重要であるが、実際の花床形状の変化と小花配置を実データから 3 次元的に計測することは目的としていない。

頭状花序や小花の配置に着目した研究としては、Zhang ら [9] によるキク科頭状花序の発生と進化に関する総説がある。キク科の頭状花序では、花床上に多数の小花がどこに、どの順序で追加されていくかが、最終的な見た目や小花数に直接反映される。このため、小花配列を定量的に捉えることは、発生過程と最終的な形態の関係を理解するうえで重要である。また、Zhang ら [10] はガーベラを対象とし、頭状花序の表面に現れる小花原基の位置を点として抽出し、各点の角度や半径などの幾何学的関係にもとづいて、原基が出現する順序や螺旋状の配列パターンを定量化している。さらに、得られた点配置がどのような生成規則で生じるかを数理モデルとして定式化し、観察された配列パターンをモデルによって再現できることを示した。これに対して本研究では、キクタニギクの X 線 CT スライス画像から花床と小花の接点を画像解析により検出し、検出位置を 3 次元空間に復元することで、小花配列を接点の 3 次元分布として推定する。すなわち、本研究は、頭状花序表

面で原基の出現位置を直接観察して生成規則をモデル化するのではなく、CT 画像から得られる花床と小花の接触位置を多数抽出し、それらの 3 次元配置を定量化・可視化する点に特徴がある。

深層学習を用いた植物画像の物体検出に関しては、YOLO 系モデルを用いた研究が近年増加している。Zhang ら [11] は、YOLOv8 を改良したモデルを用いて植物特徴の検出に適用している。Alhwaiti ら [12] は、YOLO ベースの深層学習モデルにより植物病害の識別精度を向上できることを示している。さらに、Zhang ら [13] は、Segment Anything Model (SAM) [14] によるオフラインの領域抽出と YOLOv8 によるオンライン検出を組み合わせ、手動ラベリングを行わずに葉の検出モデルを構築する枠組みを提案している。これらの研究は、主に RGB 画像などの 2 次元画像を対象とし、葉や病斑など地上部器官の識別を目的としている。一方、本研究では、X 線 CT から得られたスライス画像を入力とし、花床と小花の接点位置を検出した上でそれを 3 次元空間に復元することを目的としており、扱う画像の種類とタスクが異なる。

キク科植物の頭状花序を対象とし、CT 画像と機械学習を組み合わせる小花の 3 次元配列を推定した研究としては、松本ら [4] による先行研究がある。この研究では、成熟期後期のキクタニギクを対象とし、CT ボリュームデータから花床中心を通るスライス画像を多数生成し、その 2 次元画像上で花床と小花の接点を物体検出することで、特定の生育段階における小花配列を 3 次元的に推定している。これに対して本研究では、成長初期段階のキクタニギクを対象とし、生育段階の異なる複数サンプルを扱う。このように、本研究は、成熟期後期の単一段階を対象とした先行研究に対して、成長初期段階での推定と、複数段階の横断的な比較を目的とする点で立ち位置が異なる。

3. 手法

本章では、本研究で用いる 3 次元小花配列推定手法について述べる。全体の処理の流れを図 1 に示す。提案手法は、大きく分けて、スライス画像生成、接点・花床の検出、接点・花床の 3 次元復元の 3 段階から構成される。まず、キクタニギクの CT ボリュームデータから、図 2 に示す花床中心軸を通る平面を基準とし、この平面を中心軸まわりに微小角度ずつ回転させながら断面を切り出すことで、スライス画像を生成する。次に、図 1 中央に示すように、各スライス画像に対して YOLOv8 を適用し、小花と花床の接点候補をバウンディングボックスとして検出する。あわせて、U-Net により花床領域をセグメンテーションし、花床セグメンテーション結果を得る。その後、図 1 右に示すように、検出されたバウンディングボックスの中心座標をスライス画像の CT ボリュームデータ上での位置に基づいて 3 次元座標に変換し、接点候補点の 3 次元分布を復元する。

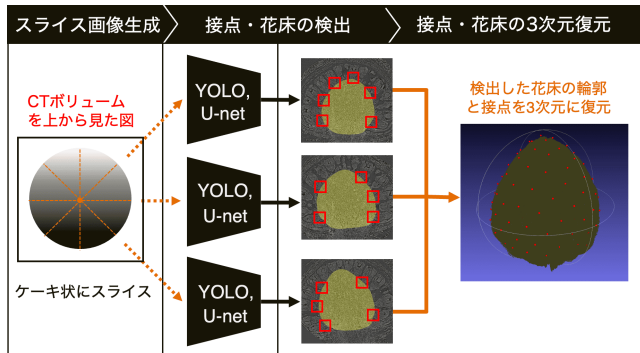


図 1: 提案手法の全体の流れ.

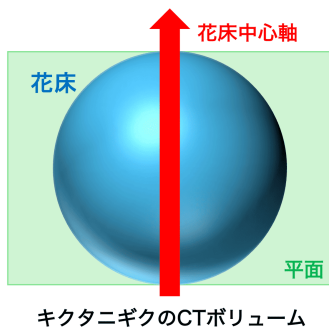


図 2: 花床中心軸を通る平面.

さらに、得られた点群に対して階層クラスタリングの1つである群平均法を適用し、同一接点に由来すると考えられる候補点を統合することで、各クラスタの重心を接点の推定結果とする。最後に、接点と花床形状の推定結果を重畳して可視化する。以下、それぞれについて詳細を述べる。

3.1 CT ボリュームからのスライス画像生成

図 3 に、CT ボリュームからスライス画像を生成するまでの処理の流れを示す。図 3(a) で示すようにまず、CT ボリュームから頭状花序を含む領域のみをトリミングして解析対象を花序部分に限定する。次に図 3(b) のように、図中の赤線で示す花床中心軸が鉛直上方向を向くように CT ボリュームを回転させる。これは、後述するスライス画像生成において花床中心軸まわりに切断平面を回転させながら切り出す操作を円滑に行うためである。図 3(b) 中の青い矢印は、花床中心軸まわりの回転操作を表す。さらに図 3(c) のように、花床中心を通る縦断面を1つ定め、この平面を中心軸まわりに一定の角度ずつ回転させながら CT ボリュームと交差させることで、スライス画像を生成する。図 3(c) 中の破線は、各角度における切り出し位置の例を表す。

本研究で扱う、キクタニギクの CT ボリュームは成長初期段階のサンプルであり、小花と花床の接点が小さく不明瞭である。そのため、切り出しの回転角を 0.01° とすることで、1 サンプルあたり 18,000 枚のスライス画像を生成し、接点を確実に検出することを目指す。

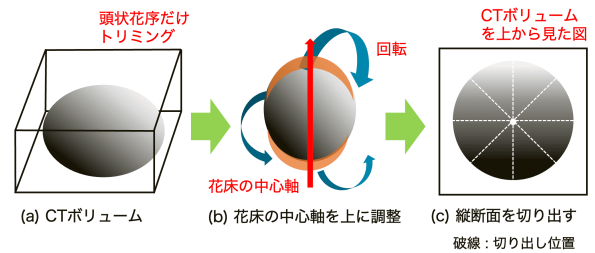


図 3: スライス画像の切り出し処理の概略.

3.2 接点候補の検出

生成したスライス画像は、そのまま物体検出モデルの入力として用いる。スライス画像における小花と花床、および両者の接触領域（接点）を色分けしたものを図 4 に示す。

本研究では、各スライス画像に対して、図 4 に示す花床と小花の接触領域を物体検出の対象とする。本研究では、松本らの手法と同様に YOLO ベースの手法を用いて、図 8 に示すようなバウンディングボックスとして接点を検出し、その中心位置を接点の位置とする。松本らの手法では、接点の大きさに合わせたサイズのバウンディングボックスを出力するようにモデルを学習していた。しかし、本研究で扱う成長初期段階のサンプルでは接触領域の境界が不明瞭であったり、形状が複雑であるため、正解データ付与の際に接点の大きさに合わせてバウンディングボックスを付与することが困難である。そこで本研究では、接点検出で出力されるバウンディングボックスのサイズを固定して出力するように学習をする。

検出モデルには、COCO データセット [15] で事前学習された YOLOv8 を採用する。YOLOv8 は、単一の畳み込みネットワークから画像の複数スケールの特徴マップを抽出し、その特徴マップ上の各画素ごとに、その付近の物体の有無と、物体が存在する場合に物体の位置を矩形を用いて予測するワンステージ型の物体検出器である。具体的な予測値は、矩形の中心座標や幅・高さなど、画像座標系におけるバウンディングボックスの大きさと場所を表す量である。同時に、その矩形の中身がどの物体であるかを表す確率も出力する。本研究で検出する物体は接点の1種類のみであり、出力される確率はその矩形が接点である確からしさを表す値として用いる。Faster R-CNN [16] などの二段階検出器では、物体の位置の特定と物体の推定を別々のネットワークで行うのに対し、YOLOv8 ではこれらを一つのネットワーク内で一括して推定する。このため、1枚あたりの推論時間が短く、多数のスライス画像を処理する本研究のような設定でも現実的な計算時間で全画像を処理できるという利点がある。加えて、バックボーンや検出ヘッドの改良により、YOLOv8 は同程度のモデルサイズの YOLOv5 *2 と比較して、性能が向上している*3。

*2 <https://github.com/ultralytics/yolov5>

*3 <https://arxiv.org/abs/2408.15857>

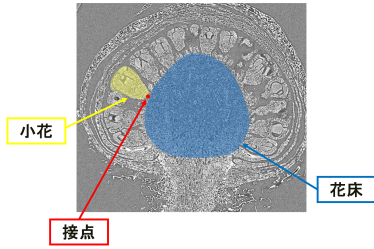


図 4: スライス画像の一例。花床，小花，および両者が接する領域（接点）を色分けして示した。

従来法と比べて検出精度を保ちつつ高速な推論が可能であることから，精度と速度のバランスに優れたモデルであるといえる。

YOLOv8 の出力のうち，本研究では各バウンディングボックスの中心座標だけを取り出し，これをスライス画像上での接点候補の 2 次元位置とみなす。すべてのスライス画像について得られた接点候補を，後述する接点の 3 次元位置推定に用いる。

3.3 接点の 3 次元位置推定

第 3.2 節で得られた各スライス画像上の接点検出結果と，スライス画像を切り出した際の回転角度および花床中心軸の位置との対応関係を用いて，花床表面上における接点の 3 次元位置を推定する。

まずはじめに，接点候補の 3 次元座標を得る。各スライス画像で検出された接点候補のバウンディングボックスについて，その中心の画像上での座標を取得する。この 2 次元座標を，スライス画像を切り出したときの回転角度および花床中心軸の位置を用いることで，元の CT ボリュームの 3 次元座標に変換し，花床表面上における接点候補点の 3 次元位置を求める。この操作をすべてのスライス画像に対して行うことで，各スライス画像上で検出された接点候補を 3 次元空間上の点として表現する。図 5 に，接点を 3 次元座標に変換しプロットしたものを示す。この例のように，ある小花の接点候補は，3 次元空間では花床表面に沿って細長い帯状の点群となる。これは，ある小花の接点が複数のスライス画像で検出されるためである。

続いて，接点候補から接点の 3 次元位置を推定する。3 次元の接点候補に対して 1 つの接点から検出された接点候補が 1 つのクラスタになるようクラスタリングを適用する。そして，各クラスタの重心位置を接点の推定位置とする。接点候補のクラスタリングには，階層クラスタリングの一種である群平均法を適用する。群平均法では，クラスタ間距離を両クラスタに属する全要素間距離の平均として定義し，クラスタ間距離の近いものから順にクラスタの統合を行う手法である。今，3 次元空間上の接点候補点を $x_1, x_2, \dots, x_N \in \mathbb{R}^3$ とする。ここで， x_i は i 番目の接点候補点の 3 次元座標を表す。すべての接点候補

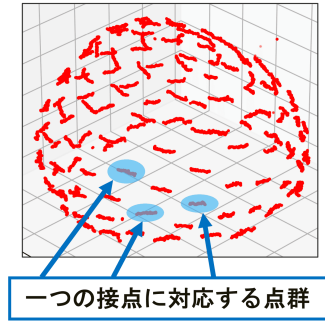


図 5: 一つの接点に対応する細長い帯状の点群の例。

点 $x_1, \dots, x_N$ を，初期状態ではそれぞれ 1 点だけからなる別々のクラスタとみなす。次に，全てのクラスタの組み合わせについてクラスタ同士の距離を計算する。クラスタ同士の距離は， A, B を距離を計算するクラスタ， y, z を A, B それぞれの要素， $|A|, |B|$ をクラスタに含まれる要素数とすると，以下のように計算する。

$$d(A, B) = \frac{1}{|A||B|} \sum_{y \in A} \sum_{z \in B} \|y - z\|_2 \quad (1)$$

クラスタ同士の距離の中で最小のものが閾値 τ を下回る場合，最小距離を与える 2 つのクラスタを結合する。結合後は，新しいクラスタ集合について再び距離 $d(A, B)$ を計算し直し，同じ手順で最も近いクラスタ同士を順次結合していく。どのクラスタの組についても距離 $d(A, B)$ が閾値 τ 以上となり，これ以上どのクラスタも結合されない状態になったとき，クラスタリングを終了する。閾値 τ は，3 次元点群に対して群平均法の階層クラスタリングを適用した際に記録される結合距離に基づいて自動的に決定する。クラスタリングが完了後，クラスタリングが終了した際のあるクラスタを C とし， p を C の要素， $|C|$ を C に含まれる要素数とすると，クラスタの重心 X_C は以下のように表現できる。

$$X_C = \frac{1}{|C|} \sum_{p \in C} p \quad (2)$$

X_C を，小花と花床の一つの接点の推定 3 次元位置とする。

3.4 U-Net による花床セグメンテーション

花床上に接点が分布する様子を可視化するため，接点の検出と合わせて花床領域のセグメンテーションを行う。本節では，図 4 の青色で示す花床領域をセグメンテーションの対象とする。花床領域のセグメンテーションは，各ピクセルを背景クラスと花床クラスの 2 クラスに分類するセマンティックセグメンテーションに該当する。そのため，セマンティックセグメンテーションの代表的手法である U-Net [5] を用いる。本実験におけるセマンティックセグメンテーションの出力は，図 6 のように白と黒の 2 値画像

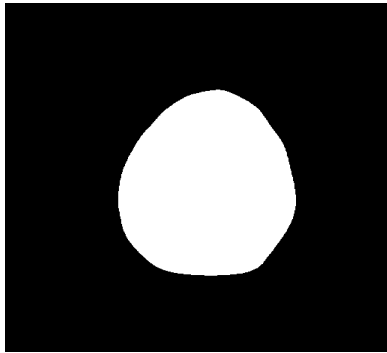


図 6: 花床セグメンテーションの出力例 (2 値マスク).

として得られる. この画像における白色の領域を花床のマスク領域として扱い, 後述する花床の輪郭抽出に用いる.

3.5 花床の輪郭抽出

前節で得られた花床マスクから, 花床表面の形状を 3 次元的に可視化するために, 花床領域の輪郭点を抽出する. 本研究では, 図 6 に示した 2 値マスク画像を入力とし, 各スライス画像における花床領域の外周に相当する輪郭を求める.

輪郭抽出には, Suzuki ら [17] による輪郭追跡法に基づく手法を用いる. この手法は, 2 値画像の中で物体と背景の境目を見つけ, その境目を画像上で順にたどっていくことで, 物体の輪郭を点の並びとして取り出す方法である. また, 物体の外側の輪郭だけでなく, 内部に穴がある場合にはその境界も区別して扱うことができる. そのため, 2 値画像の中にある物体の形を輪郭として適切に表現できる.

本研究では, 花床マスクに対してこの輪郭追跡法にもとづく処理を適用し, 各スライス画像における花床領域の輪郭点列を得る. 得られた輪郭点は, スライス画像の回転角度と画像内での位置関係を用いて 3 次元座標へ変換する. これを全てのスライス画像に対して適用することで, 花床の形状を表す 3 次元点群を得る. さらに, 各スライスで得た輪郭点列を等間隔に並び直し, 隣接する回転角度のスライス間に対応する輪郭点同士を順に三角形で結ぶことで, 花床表面を表す三角形メッシュを生成し, 花床の 3 次元形状を復元する.

3.6 3 次元小花配列の可視化

第 3.3 節で推定した接点の代表点 (クラスタ重心) と, 第 3.5 節で得られた花床形状を組み合わせることで, 3 次元小花配列の推定結果を可視化する. 図 10 に, その可視化例を示す. 図中の赤色の点は, クラスタリングによって統合された各接点の代表点を 3 次元空間上に配置したものである. また, 薄黄色の領域は, 花床セグメンテーション結果から得た花床の形状を表している. このように, 花床の 3 次元形状の上に接点の代表点を重ねて表示することで, 接点が花床表面のどの位置に分布しているかを目視で確認で

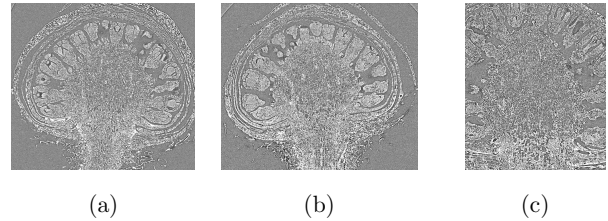


図 7: キクタニギクのサンプルのスライス画像の一例.

きる.

4. 実験

提案手法による接点検出精度と, 花床のセグメンテーション精度を評価した. 加えて, 花床形状推定結果への重量により 3 次元小花配列の推定結果を可視化した.

4.1 対象データセット

本研究では, 生育段階の異なる 3 個のキクタニギクの CT ボリュームデータ (a), (b), (c) を用いた. (a) は茎頂サイズが 1.0 mm, (b) は 1.5 mm, (c) は 2.0 mm のサンプルである. これらは大型放射光施設 SPring-8 において高速 X 線 CT システムで撮影され, システムは Uesugi ら [18] に基づく. 各ボリュームに対して, 頭状花序領域のみをトリミングし, 花床中心軸が鉛直上方向を向くよう回転補正した. その上で, 花床中心軸を通る平面を 0.01° 刻みで回転させながら断面を切り出し, 1 サンプルあたり 180° 分に相当する 18,000 枚のスライス画像を作成した.

接点検出モデルの学習用正解データとして, 各サンプルにつき 3.6° 刻みで 50 枚のスライス画像を選択し, 同一サイズのパウンディングボックスで接点をアノテーションした. この 50 枚は 5-fold 交差検証で学習用・テスト用に分割して評価に用いる. 一方, 18,000 枚の全スライス画像に対する推論では, 各サンプルについて 50 枚すべてを学習に用いて最終モデルを作成し, そのモデルを用いて接点を検出した.

花床セグメンテーションの正解データについても接点検出と同様に, 3.6° 刻みで選択した 50 枚を用いて花床領域を手動で抽出し, 2 値マスク画像 (花床マスク) を作成した.

4.2 実験条件

本研究では, 接点の検出精度を 5-fold 交差検証により評価した. 接点検出には COCO で事前学習された YOLOv8 を用いた. 各サンプルの 50 枚を切り出し角度に基づいて 5 つのグループに分割した. 連続する 10 枚を 1 グループとし, 角度範囲が (1) $0.0^\circ \leq \theta < 36.0^\circ$, (2) $36.0^\circ \leq \theta < 72.0^\circ$, (3) $72.0^\circ \leq \theta < 108.0^\circ$, (4) $108.0^\circ \leq \theta < 144.0^\circ$, (5) $144.0^\circ \leq \theta < 180.0^\circ$ に対応するよう構成した. 各 fold では, いずれか 1 グループをテスト用, 残り 4 グループを学習用として学習と評価を行った. 学習用 40 枚には水平

反転, 明るさ変化, コントラスト変化のデータ拡張を適用し, 1枚あたり50枚の学習画像を生成して合計2,000枚とした. エポック数は25, バッチサイズは16とし, 学習率は 10^{-3} から 10^{-4} まで線形に減少させた. 最適化にはAdam [19]を用いた.

花床セグメンテーションの評価にも5-fold交差検証を用いた. データ拡張は行わず, エポック数30, バッチサイズ2, 学習率は 10^{-4} で固定し, 最適化にはAdamを用いた.

輪郭抽出の実装にはOpenCVの`findContours`を用いた. 花床マスクは, 白色を花床領域, 黒色を背景とする2値画像として扱った. 輪郭抽出では, 花床領域の最外周のみを対象とするため, 抽出モードに`RETR_EXTERNAL`を指定し, 輪郭点を省略せず保持するため, 近似方法に`CHAIN_APPROX_NONE`を指定した. 複数の輪郭が得られた場合には, ノイズや小領域の影響を避けるため, 輪郭点数が最大となる輪郭を花床輪郭として採用した. また, 抽出された輪郭点は数が多くなるため, 一定間隔ごとに1点を選択して間引いた後, 3次元座標へ変換した.

4.3 評価指標

接点検出ではCOCOで用いられる指標に従い, Average Precision (AP) で評価する. 判定には Intersection over Union (IoU) を用い, 予測矩形, 正解矩形をそれぞれ P, G とすると,

$$\text{IoU}(P, G) = \frac{|P \cap G|}{|P \cup G|} \quad (3)$$

で表される. YOLOv8 が各予測矩形に対して出力する確信度順に並べた検出結果から得られる precision-recall 曲線に対し,

$$\text{AP} = \int_0^1 p(r) dr \quad (4)$$

で AP を計算する. AP50, AP75 は IoU 閾値をそれぞれ 0.5, 0.75 としたときの AP である. AP(0.5:0.95) は 0.5 から 0.95 まで 0.05 刻みの AP の平均である.

花床セグメンテーション精度は Dice 係数で評価する. 予測マスク P と正解マスク G に対して

$$\text{Dice}(P, G) = \frac{2|P \cap G|}{|P| + |G|} \quad (5)$$

で計算され, 1 に近いほど一致度が高い.

4.4 結果

4.4.1 接点検出精度

5-fold 交差検証における各サンプルの AP を表 1 に示す. 各サンプルにおける接点検出結果の例を図 8 に示す. 正解ラベルのバウンディングボックスを赤色, 予測結果のバウンディングボックスを緑色で示す.

4.4.2 花床セグメンテーション精度

5-fold 交差検証における各サンプルの Dice 係数 (平均 ±

表 1: 各サンプルに対する 5-fold 交差検証における接点の検出精度

対象サンプル	AP(0.5:0.95)	AP50	AP75
(a)	0.7941	0.9837	0.9604
(b)	0.7357	0.9832	0.8737
(c)	0.6391	0.9353	0.7532

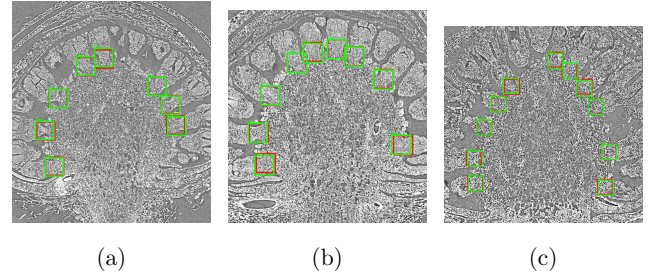


図 8: サンプル (a), (b), (c) に対する接点の検出結果の例 (重ね表示). 正解ラベルのバウンディングボックスを赤色, 予測結果のバウンディングボックスを緑色で示す.

表 2: 各サンプルに対する 5-fold 交差検証における花床セグメンテーション精度 (Dice 係数, 平均 ± 標準偏差)

対象サンプル	Dice 係数 (MEAN ± STD)
(a)	0.9778 ± 0.0019
(b)	0.9757 ± 0.0041
(c)	0.9815 ± 0.0030

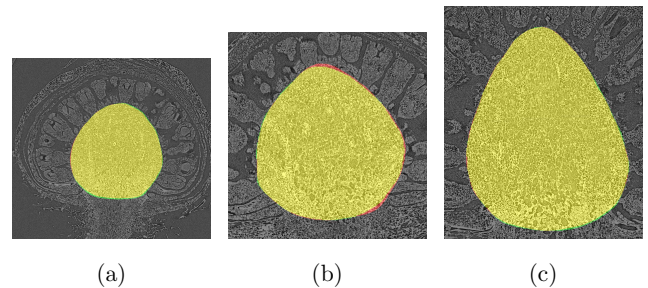


図 9: サンプル (a), (b), (c) に対する花床セグメンテーション結果の例 (重ね表示). 赤色: 正解ラベル, 緑色: 予測結果, 黄色: 両者の重なり.

標準偏差) を表 2 に示す. 各サンプルにおける花床セグメンテーション結果の例を図 9 に示す. 正解ラベルを赤色, 予測結果を緑色で示し, 両者が重なる領域を黄色で示す.

4.4.3 3次元小花配列の推定結果の可視化

検出されたバウンディングボックスの中心座標を 3次元座標に変換し, 群平均法による階層クラスタリングを適用することで, 同一接点に対応する候補点を統合した. 図 10 の赤色の点は, この統合後に得られる接点の代表点を表している. さらに, U-Net で推定した花床の 3次元形状推定結果の上に, 接点の推定結果を重ねた. 図 10 の薄黄色の領域は推定した花床形状を表しており, 赤色の接点の推

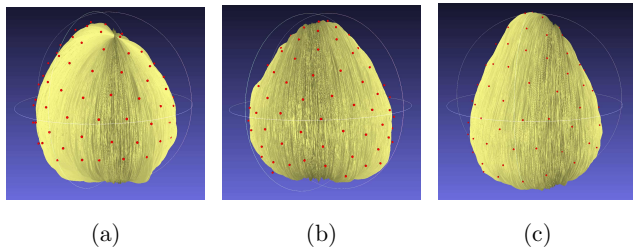


図 10: サンプル (a), (b), (c) に対する 3 次元小花配列の推定結果の可視化。

定結果と同時に表示することで、花床形状と小花配列の関係を同一の図上で確認できる。

5. 考察

本研究では、成長初期段階のキクタニギクの CT ボリュームデータからスライス画像を作成し、その画像上で YOLOv8 を用いて花床と小花の接点を検出した。5-fold 交差検証の結果、AP50 は全サンプルで 0.93 以上と高い数値を示した。一方で、AP75 や AP(0.5:0.95) はサンプルによってばらつきがあった。これは、より厳しい IoU 閾値で評価した場合に、花床と小花の境界のあいまいさに起因するラベル付け誤りの影響が強く出たと考えられる。本研究では検出したバウンディングボックスの中心座標を接点位置として用いるため、枠の位置そのものより中心位置の妥当性が重要である。IoU が 0.5 以上であれば予測枠は正解枠と十分に重なり、中心位置も大きく外れていない場合が多い。したがって、本研究のように接点候補の位置を得ることが目的であれば、AP50 が高いだけで接点検出には十分に利用できる。

また、本研究では U-Net により花床領域をセグメンテーションし、Dice 係数により精度を評価した。Dice 係数はいずれのサンプルでも 0.97 以上であり、花床領域を安定して抽出できることが確認できた。さらに花床マスクから輪郭点を抽出し、隣接するスライス画像の輪郭点を 3 角形で繋ぎ合わせてメッシュを作成することにより花床形状を復元した後、花床形状上にクラスタリング結果を重畳した 3 次元小花配列の推定結果を得ることができた。これにより、推定された接点が花床表面のどの位置に分布しているかを花床形状と対応付けて確認できるようになった。

一方で限界としては、サンプルごとにモデルを学習するため、サンプル追加時にラベル付けと学習が必要になること、複数の生育段階や個体差をまたいで安定して検出できる共通モデルの構築が未検討であることが挙げられる。

6. まとめ

本研究では、成長初期段階のキクタニギクを対象として、小花と花床の接点の 3 次元位置を推定し、3 次元小花配列を可視化する手法を検討した。CT ボリュームデータに対

して、花床中心軸まわりに切断平面を回転させながらスライス画像を作成し、YOLOv8 により接点候補を検出した。検出したバウンディングボックスの中心座標を 3 次元に復元し、群平均法によるクラスタリングで同一接点由来の候補点を統合した。さらに U-Net により花床領域をセグメンテーションし、輪郭抽出とメッシュ生成により花床形状を推定した。接点代表点を花床形状へ重畳することで、花床形状と接点配置を同時に可視化した。

実験の結果、接点検出は AP50 が全サンプルで 0.93 以上、花床セグメンテーションは Dice 係数が全サンプルで 0.97 以上となり、成長初期段階で境界が明瞭でない場合でも安定して推定できることを示した。今後は複数サンプルをまとめて学習した共通モデルの構築や、検出結果を擬似ラベルとして活用する半教師あり学習により、ラベル作成コストの削減と性能向上を両立させることを目指す。また、得られた接点配置情報から、植物の成長モデルの検討を行う。

参考文献

- [1] Pushpangadan, S. and Omanakumari, N.: Inflorescence morphology, *Systematics and Biodiversity*, Vol. 7, pp. 445–451 (2010).
- [2] Yonekura, T., Iwamoto, A., Fujita, H. and Sugiyama, M.: Mathematical model studies of the comprehensive generation of major and minor phyllotactic patterns in plants with a predominant focus on orixate phyllotaxis, *PLOS Computational Biology*, Vol. 15, No. 6, pp. e1007044: 1–27 (2019).
- [3] Klawe, F. Z., Stiehl, T., Bastian, P., Gaillochet, C., Lohmann, J. U. and Marciniak-Czochra, A.: Mathematical modeling of plant cell fate transitions controlled by hormonal signals, *PLOS Computational Biology*, Vol. 16, No. 7, pp. e1007523: 1–21 (2020).
- [4] Matsumoto, S., Utsumi, Y., Kozuka, T., Iwamura, M., Nakai, T., Yamauchi, D., Karahara, I., Mineyuki, Y., Hoshino, M., Uesugi, K. and Kise, K.: CT image-based 3D inflorescence estimation of Chrysanthemum seticuspe, *Frontiers in Plant Science*, Vol. 15, pp. 1374937: 1–15 (2024).
- [5] Ronneberger, O., Fischer, P. and Brox, T.: U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation, *Proceedings of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, Vol. 9351, pp. 234–241 (2015).
- [6] Tracy, S. R., Gómez, J. F. F., Sturrock, C. J., Wilson, Z. A. and Ferguson, A. C.: Non-destructive determination of floral staging in cereals using X-ray micro computed tomography (μ CT), *Plant Methods*, Vol. 13, No. 1, pp. 9: 1–12 (2017).
- [7] Mathers, A. W., Hepworth, C., Baillie, A. L., Sloan, J., Jones, H., Lundgren, M., Fleming, A. J., Mooney, S. J. and Sturrock, C. J.: Investigating the microstructure of plant leaves in 3D with lab-based X-ray computed tomography, *Plant Methods*, Vol. 14, No. 1, pp. 99: 1–12 (2018).
- [8] Liu, W., Liu, C., Jin, J., Li, D., Fu, Y. and Yuan, X.: High-Throughput Phenotyping of Morphological Seed

- and Fruit Characteristics Using X-Ray Computed Tomography, *Frontiers in Plant Science*, Vol. 11, pp. 601475: 1–10 (2020).
- [9] Zhang, T. and Elomaa, P.: Development and evolution of the Asteraceae capitulum, *New Phytologist*, Vol. 242, No. 1, pp. 33–48 (2024).
- [10] Zhang, T., Cieslak, M., Owens, A., Wang, F., Broholm, S. K., Teeri, T. H., Elomaa, P. and Prusinkiewicz, P.: Phyllotactic patterning of *Gerbera* flower heads, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, Vol. 118, No. 13, pp. e2016304118: 1–11 (2021).
- [11] Zhang, X., Wang, L., Li, M. et al.: Improvement of YOLOv8 segmentation algorithm and its application to plant feature detection, *Applied Sciences*, Vol. 14, No. 11088 (2024).
- [12] Alhwaiti, Y., Khan, M., Asim, M., Siddiqi, M. H., Ishaq, M. and Alruwaili, M.: Leveraging YOLO deep learning models to enhance plant disease identification, *Scientific Reports*, Vol. 15, No. 7969 (2025).
- [13] Zhang, Z., Wang, H. et al.: An automated framework integrating SAM for offline semantic segmentation and YOLOv8 for real-time detection, *Agronomy*, Vol. 13, No. 1081 (2023).
- [14] Kirillov, A., Mintun, E., Ravi, N., Mao, H., Rolland, C., Gustafson, L., Xiao, T., Whitehead, S., Berg, A. C., Lo, W., Dollár, P. and Girshick, R.: Segment Anything, *Proceedings of the IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV)*, pp. 3992–4003 (2023).
- [15] Lin, T.-Y., Maire, M., Belongie, S., Bourdev, L., Girshick, R., Hays, J., Perona, P., Ramanan, D., Zitnick, C. L. and Dollár, P.: Microsoft COCO: Common Objects in Context, *Proceedings of the European Conference on Computer Vision (ECCV)*, pp. 740–755 (2014).
- [16] Ren, S., He, K., Girshick, R. and Sun, J.: Faster R-CNN: Towards Real-Time Object Detection with Region Proposal Networks, *IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence*, Vol. 39, No. 06, pp. 1137–1149 (2017).
- [17] Suzuki, S. and Abe, K.: Topological structural analysis of digitized binary images by border following, *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, Vol. 30, No. 1, pp. 32–46 (1985).
- [18] Uesugi, K., Hoshino, M., Takeuchi, A., Suzuki, Y., Yagi, N. and Nakano, T.: Development of fast (sub-minute) micro-tomography, *AIP Conference Proceedings*, Vol. 1266, No. 1, pp. 47–50 (2010).
- [19] Kingma, D. P. and Ba, J.: Adam: A Method for Stochastic Optimization, *Proceedings of International Conference on Learning Representations*, pp. 1–15 (2015).