

パプリカの 3D 点群における深層学習を用いた部分セグメンテーション
(Part segmentation in 3D point cloud of Paprika using Deep Learning)

音部 悠樹[†], Lee Unseok[‡], 宇佐美 哲之[‡], 林 篤司[‡], 高地 伸夫[‡],
 中間 優^{††}, 篠原 洋太^{†††}, 伊高 静[†], 鈴木 知道[†]

[†]: 東京理科大学理工学部経営工学科

[‡]: 国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 基盤技術研究本部農業ロボティクス研究センター

^{††}: 国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 野菜花き研究部門施設生産システム研究領域

^{†††}: 株式会社アウトソーシングテクノロジー

<キーワード>三次元モデリング, AI, 植物科学

1. はじめに

植物の表現型は、光合成の性能や育種などの研究・評価において重要な役割を担っている。だが、植物の表現型のデータは、植物それぞれが複雑で固有の形状を持つことから、従来の手法は手作業による非効率な方法が主だった。しかし、近年ではセンサーやイメージング機器の性能向上・価格の低下、深層学習などの技術革新によって、データを簡便かつ大量に得る為の研究が注目されている。

しかし、従来のシステムのほとんどは 2 次元画像での植物情報の抽出であり、葉同士の重なり等の影響により各部位のセグメンテーションや表現型の抽出には不向きである。そこで、物体同士の重なりを回避可能な情報が得られる 3 次元点群を用いた研究が進んでいる。セグメンテーションによって茎、花、葉などの点群が特定された後、さらに処理を行うことで、葉など個々の器官を選択し、その統計的および幾何学的特性を抽出することができる。しかし、葉・茎・節などの特定の器官の情報を高い精度で抽出することは未だ出来ていない[1]。

そこで本研究は、パプリカの 3D 点群データを用い、深層学習を用いた器官ごとのセグメンテーションを行う。その際、点群が持つ特徴量セットについて複数の組み合わせで学習し、深層学習に最適な特徴量セットを検討する。

2. 使用データと手法

2.1 使用データ

2.1.1 供試植物

本研究で使用した植物は、3 品種 5 個体のパプリカである。品種名と個体数は、‘Nagano’ (Rijk Zwaan 社) 2 個体, ‘Nesbitt’ (Rijk Zwaan 社) 2 個体, ‘Torirosso’ (Rijk Zwaan 社) 1 個体である。これらを Nagano1_1, Nagano1_2, Nesbitt1_1, Nesbitt1_2, Torirosso1_1 として区別する。

2.1.2 データの取得方法

供試植物 5 個体の 3D 点群データはいずれも高地ら[2]の画像による 3D 点群再構築手法によって取得された。全方位で 8 台のカメラを使用し、植物をターンテーブルの上に乗せて回転させつつ撮影した(図 1)。カメラごとに撮影された画像をもとに点群を作成して組み合わせ、全体のモデルを作成した。

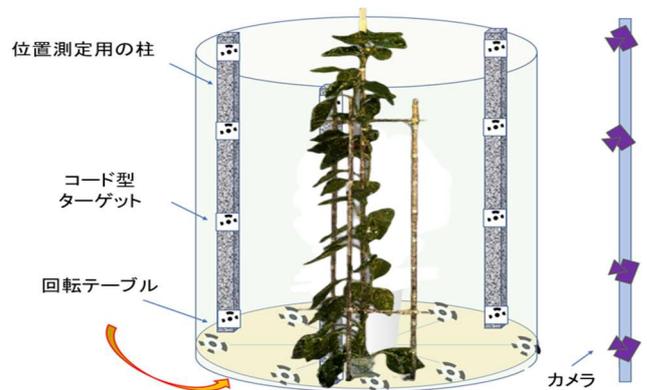


図 1 3D 点群モデル構築装置

2.1.3 データのアノテーション

深層学習モデルの学習データを作成するため、供試植物のクラスを植物領域、茎領域、支柱、その他(ノイズを含む)の 4 つのクラスに定義し、アノテーションを進めた。効率的に進めるために、点群処理ライブラリである PointCloudLibrary (PCL) にあるランダムウォーカーセグメンテーション[3]という手法を使用し、手動で入力したシードに基づいてアノテーションを行った。

2.2 深層学習によるセグメンテーション

2.2.1 深層学習モデル

本研究は、点群データ処理に、深層学習モデルである PointNet++[4]を使用した。PointNet++とは、PointNet[5]と呼ばれるネットワークを改良したものである。PointNet には、近傍点群の情報を取り込めず、細かな空間の情報が抜けやすいという弱点があった。そこで、PointNet++では入力点群を事前にクラスタリングし、階層的に PointNet を適用することで、この弱点を改善した。また、PointNet が考案された後も点群を直接入力とする深層学習モデルが考案されたが、Turgut らの比較[1]から最も良い結果を得たため、本研究では PointNet++を使用する。

2.2.2 データの前処理

Pointnet++で主に使用する点群入力サイズは 1024, 2048 または 4096 個のような 2 のべき乗で入力する。しかし、本研究の供試作物 1 つの点群の個数は約数十万個～百

数十万個であった。Pointnet++の入力として使うと、GPUメモリなどの問題で学習ができない。さらに、1個体全体の点群を2048または4096にダウンサンプリングすると、幾何学的なデータ損失が増える。したがって、我々は1個体の数十万個～数百万個の点群データを3次元グリッドに分割した。これらの各グリッド内の点群に対して1024にダウンサンプリングをすることで、学習データを作成した。このサンプリングを通じてデータの損失を最小限に抑え、深層学習に必要な学習データを増やしつつ、限られたGPUメモリでのモデルの学習を効率化した。

2.3 性能評価基準

セグメンテーションモデルの総合的な評価値については、mIoU (mean Intersection over Union) を使用した。

mIoUは、クラスごとのIoU (Intersection over Union) を平均化することで算出する。IoUは真正解ラベル(Γ)を持つ点群と予測されたラベル($\hat{\Gamma}$)を持つ点群の間に共通する点群を、その両方に存在する点群の総数で割ったものである。すなわち、IoUは以下の式(1)で定義される。

$$IoU_k = \frac{\Gamma_k \cap \hat{\Gamma}_k}{\Gamma_k \cup \hat{\Gamma}_k}, k \in \{0, 1, 2, 3\} \quad (1)$$

この方法はセグメンテーション結果の評価に広く使用されている。

2.4 実験

本研究では、点群の持つ特徴量セットを複数用意し、特徴量が学習結果に与える影響を比較検討する。3次元座標をxyz、法線方向を正規化したものをnormal、クラスごとの値をlabelとする。また、色空間はRGB, HSV, Labの三種類を用いる。実験に用いた特徴量セットは、{xyz, label}, {normal, label}, {xyz, normal, label}, {xyz, RGB, label}, {xyz, HSV, label}, {xyz, Lab, label}, {xyz, normal, RGB, label}, {xyz, normal, HSV, label}, {xyz, normal, Lab, label}である。

特徴量セット一つにつき各供試植物で3回学習し、平均をとった。そうすることで、サンプリングによる結果のばらつきを抑えた。

3. 結果と考察

結果を表1に示す。表1は、mIoU値の上位9セットの比較である。

表1 特徴量による結果の比較

mIoU	一回目	二回目	三回目	平均
xyz,HSV,label	0.871	0.864	0.879	0.872
xyz,label	0.865	0.858	0.894	0.870
xyz,HSV,normal,label	0.867	0.864	0.865	0.865
xyz,RGB,normal,label	0.857	0.864	0.871	0.864
xyz,normal,label	0.866	0.866	0.852	0.861
xyz,Lab,label	0.850	0.851	0.879	0.860
xyz,RGB,label	0.845	0.864	0.864	0.858
xyz,Lab,normal,label	0.860	0.851	0.859	0.857
normal,label	0.315	0.306	0.311	0.311

xyzを含む特徴量セットからは平均0.86程度のmIoUが得られた。これは、高地らの手法に基づいて作成したパプリカの3次元点群モデルの位置座標の精度の高さに起因していると考えられる。なぜなら、高地らの手法は、写真測量をベースとして、背景色の変更・座標系の統一などの工夫をすることで、ノイズが少なく座標の精度も高い点群データを作成できている為である(およそ2.5mの植物に対し2mm程度の精度でモデルを作成できることが分かっている)。3D点群データの精度の高さが、本研究におけるセグメンテーションモデルの性能に大きく影響したと結論付ける。

また、HSV色空間の情報を含む特徴量セットでは、他の色空間(RGBやLab)を含む特徴量セットよりも良い結果となった。HSV色空間は人間が色を知覚する方法と似ていることから、RGBやLabと比較して良い結果となったと考ええる。normalに関しては、0.311と低いmIoUとなったうえ、normalを含む特徴量セットが含まない場合に比べてほぼ変化がないことから、重要ではない特徴量であると考えられる。

これらを踏まえて考えると、供試植物の3D点群に対する深層学習に最適な特徴量セットは{xyz, HSV, label}であり、もっとも重要な特徴量は点群の持つ位置座標の精度の高さであるということが定量的に分かった。

本研究では、位置情報の精度が良い高地らの手法を使って作成した点群データを使用したことが、セグメンテーション結果の全体的な高さに寄与したと考えられる。

4. まとめと今後の展望

本研究では、パプリカの3D点群モデルを題材に、深層学習を用いた点群処理に最適な特徴量セットを見出した。今後はクラスごとのIoU比較を行い、全体的性能の内訳を確認する。また、3D点群データから葉面積などの表現型を高い精度で抽出できるようなノイズ除去の手法に関する研究を行い、部位ごとのセグメンテーションから希望の表現型データの抽出まで一貫通のシステムを作成することも、今後の重要な課題である。

参考文献

- [1]Kaya Turgut et al, "SEGMENTATION OF STRUCTURAL PARTS OF ROSEBUSH PLANTS WITH 3D POINT-BASED DEEP LEARNING METHODS", Plant Methods 18, 2022.
- [2]Nobuo Kochi et al, "All-around 3D plant modeling system using multiple images and its composition", BREEDING SCIENCE, Volume 72, Issue 1, Pages 75-84, 2022.
- [3]<https://github.com/PointCloudLibrary/pcl>, 2023/01/07.
- [4]Charles R. Qi et al, "PointNet++: Deep Hierarchical Feature Learning on Point Sets in a Metric Space" Conference on Neural Information Processing System (NIPS), Pages 5105-5114, 2017.
- [5]Charles R. Qi et al, "PointNet: Deep Learning on Point Sets for 3D Classification and Segmentation", The IEEE Conference on CVPR, Pages 652-660, 2017.