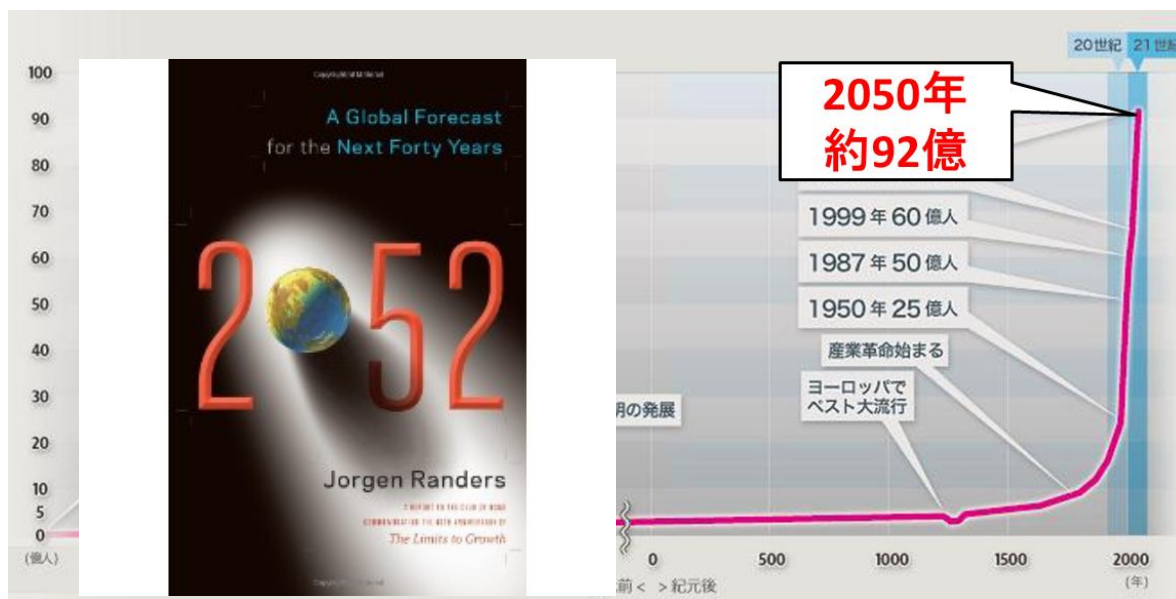


# 国際情報農学特論 育種の効率化

東京大学大学院農学生命科学研究科  
生態調和農学機構+農学国際  
二宮正士

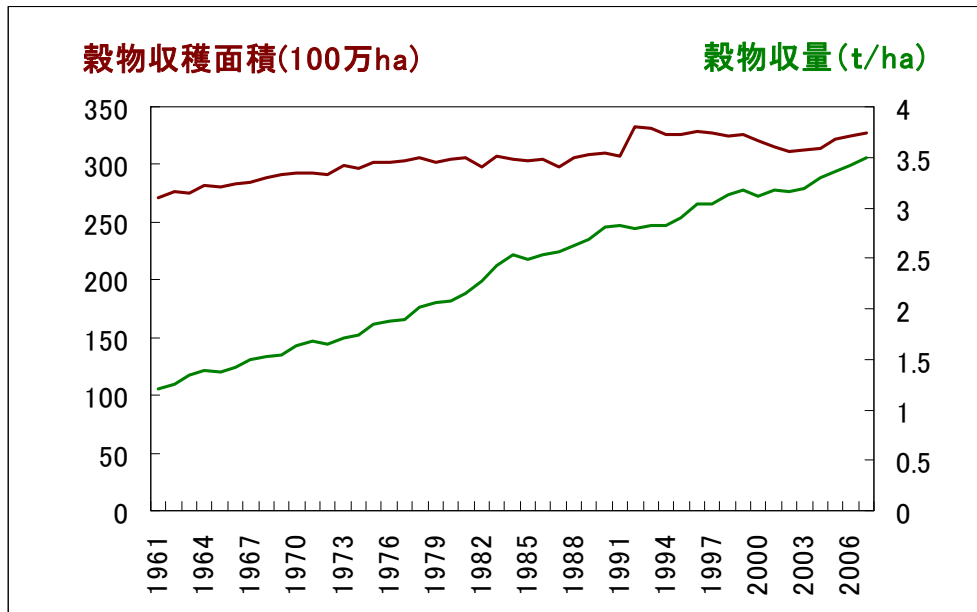


## 世界の人口推移



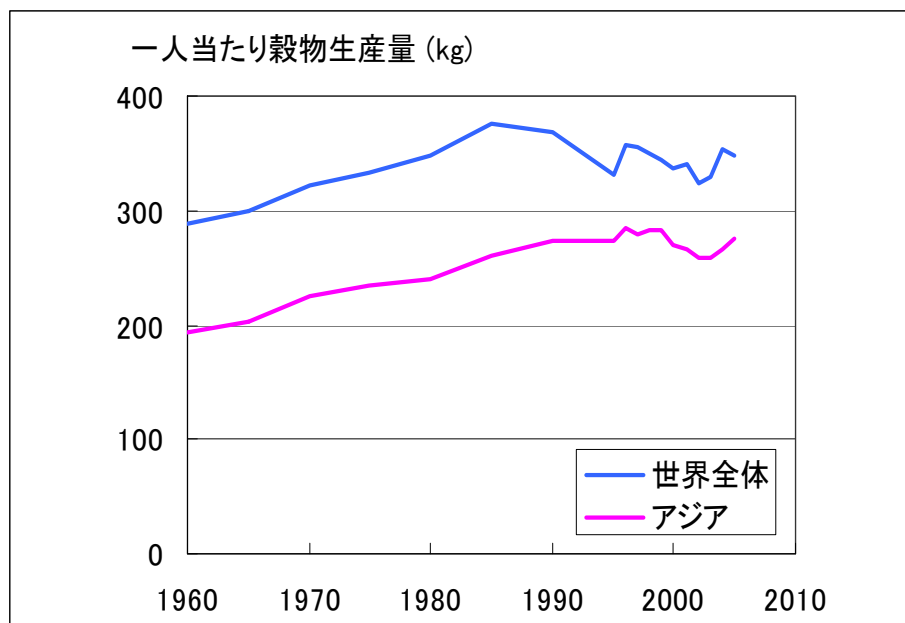
- 2050年で80億程度に留まるとい説もあるが、肉食への食遷移、バイオ燃料への耕地の利用など、食料増産圧は常に高い。

# 食糧生産性の変化 アジアの穀物



Source: FAOSTAT at <http://apps.fao.org/default.jsp>

# 一人当たり穀物生産量



Source: US Census Bureau (<http://www.census.gov/ipc/www/idb/>)

Source: FAOSTAT at <http://apps.fao.org/default.jsp>

# 世界の耕地面積

2008年作物生産量(億トン)

全穀類	25.25
主要穀類 合計	23.55
イネ	6.85
小麦	6.9
大麦	1.58
トウモロコシ	8.23
イモ類	7.3
ダイズ	2.31

FAO STAT 2009

2008年作物生産面積(億ha)

全陸地	130.00
全耕地	14.11
主要作物 計	6.78
水田	1.56
小麦	2.17
大麦	0.56
トウモロコシ	1.59
ダイズ	0.90

FAO STAT 2009

## 作物生産には水が大量に必要

- 農作物1キログラムを生産するのに必要な水

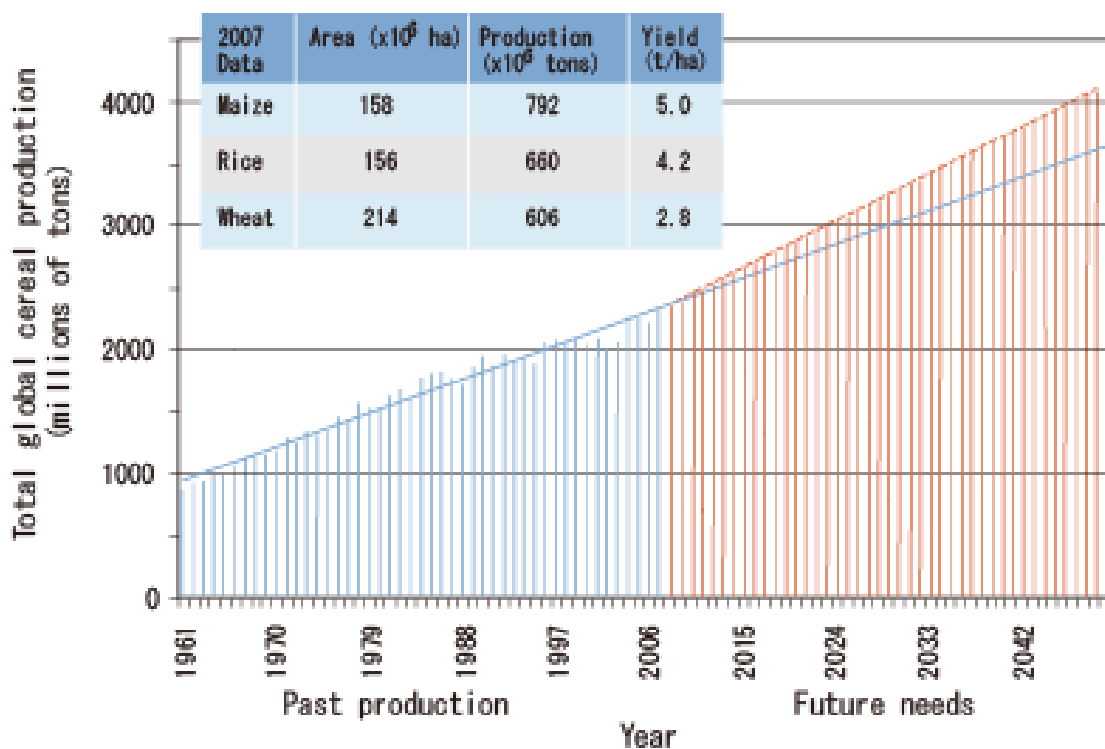
農産物名	水量	農産物名	水量
米	3.6トン	牛肉	20.6トン
大麦	2.6トン	豚肉	5.9トン
小麦	2.0トン	鶏肉	4.5トン
トウモロコシ	1.9トン	卵	3.2トン
大豆	2.5トン		

沖 2003より

## 育種の加速化の必要性

- 2050年までに現在比70%の食糧増産が必要 (4400万吨/年)
- 最近数十年の増産速度は一定で、3200万吨/年
- 従って、従来比38%増の速度で増産が必要
- 限られた資源(土地、水、肥料など)と悪化する地球環境のもとで増産を達成するには植物体そのものの生産量を大幅に向上させる他ない

### 現状の科学技術では十分に増産できない





# 育種の目標

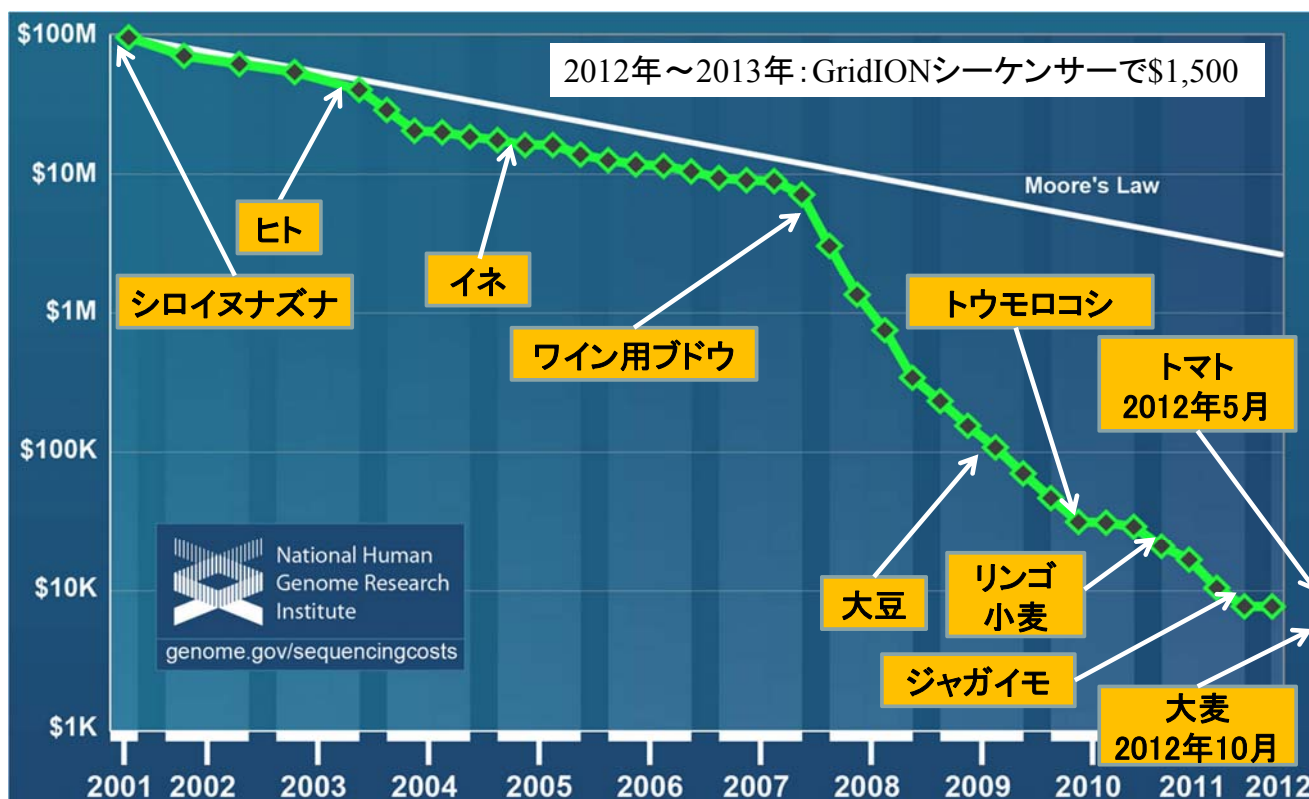
- 生産性
- 農家の収益性
- 栽培容易性
- 抵抗性
  - － 乾燥, 節水
  - － 病害虫
  - － 高温, 低温
  - － 塩害, 金属
  - － 薬剤(除草剤)
- 栄養性
- 気候変動下での安定的生産
  - － 水害抵抗性, 乾燥抵抗性, 耐倒伏性等

## 「オーム」と「オミックス」

### － Phenotyping(は)omics研究のボトルネック－

- **オーム(-ome)**:「総体」を表す接尾語
  - － 細胞内で、遺伝子配列を元に様々な反応や活性が置き、それらのある過程で区切り、ある集合レベルにおける法則性に基づいた分析
- **オミックス(-omics)**:オーム(-ome)に「学問」を表す接尾語「-ics」
  - － 生体内の個々の分子や現象に加え、生体システム全体を網羅的に調べようとする研究分野。
  - － **ゲノム(Genome)**: 遺伝子(Gene)が含まれるDNAの塊。
    - ・ 遺伝子の構造や機能解析(Genomics)。
  - － **トランスクリプトーム(Transcriptome)**: 遺伝子情報を元に、ある特定の領域が転写(Transcript)されたmRNAの研究。
    - ・ 遺伝子の転写発現解析(Transcriptomics)
  - － **プロテオーム(Proteome)**: mRNAからを元に形成されるタンパク質(Protein)の分析。
    - ・ タンパク質の構造や発現解析(Proteomics)
  - － **メタボローム(Metabolome)**: 代謝物(Metabolite)の反応経路。
    - ・ 代謝産物の網羅的な解析(Metabolomics)
  - － **フェノーム(Phenome)**: 表面に出てくる表現系(Phenotype)の分析。
    - ・ 形質や表現型の解析(Phenomics)

# ゲノムに対するコスト (Mooreの法則の終焉)



<http://www.kurzweilai.net/nanoscale-technologies-to-cut-dna-sequencing-costs>

## 次世代シーケンサー(NGS)

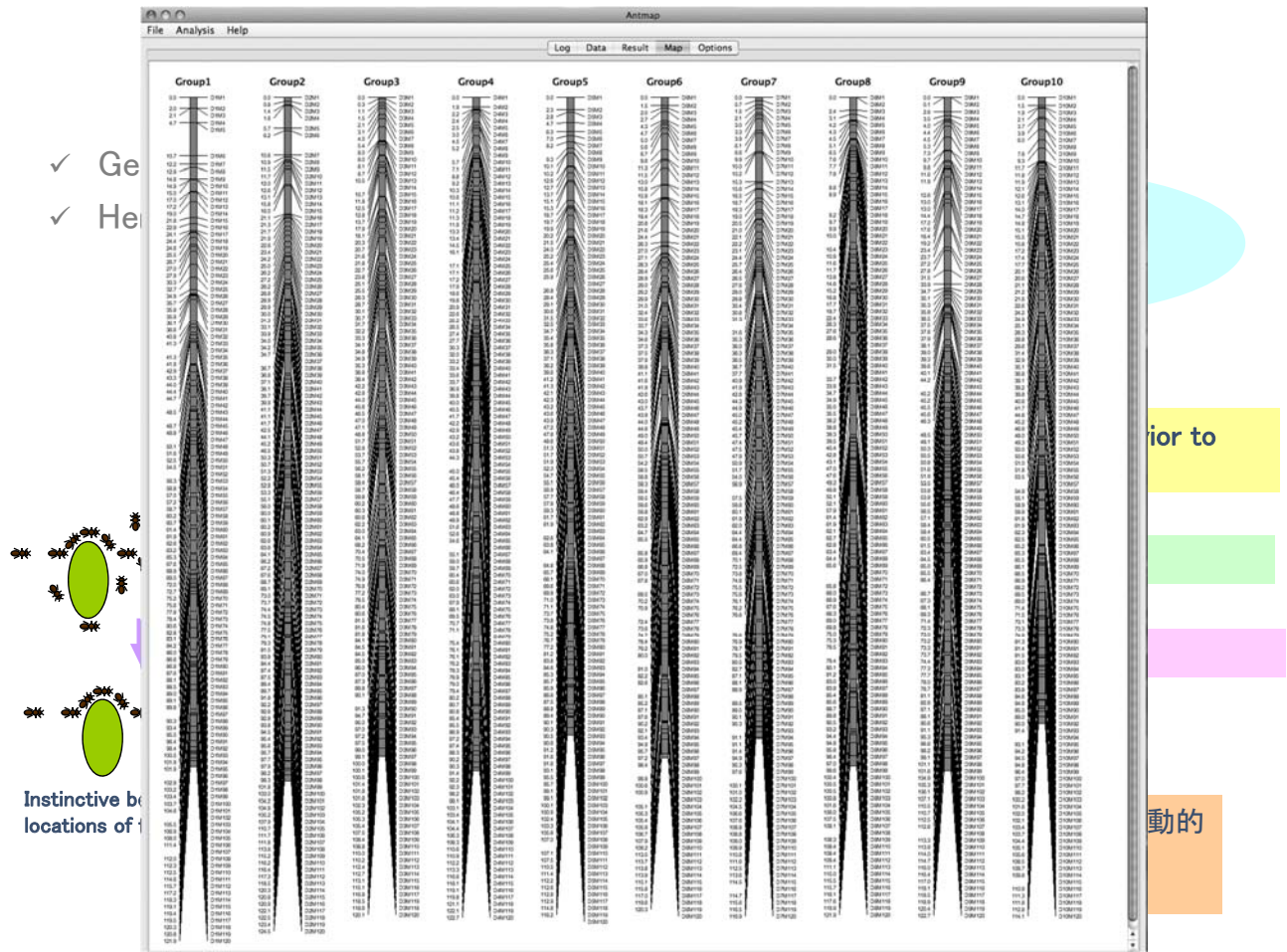


*We will be presented with terabytes of sequence information, both from genomic and transcriptional origin, which will need to be given functional meaning.*

*Furbank 2009 Func Plant Biol 36:5*

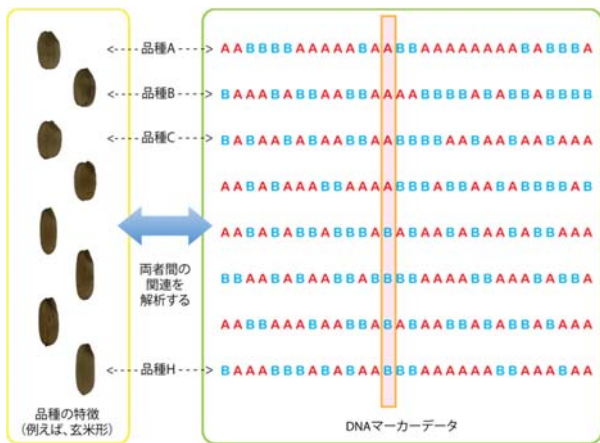
1ランで600 Gb

- ヒトゲノム(約30億塩基対)の約200倍、
- イネゲノム(約4億塩基対)の約1500倍

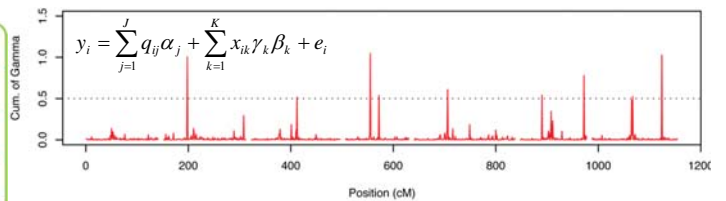


## 目的遺伝子群の発見

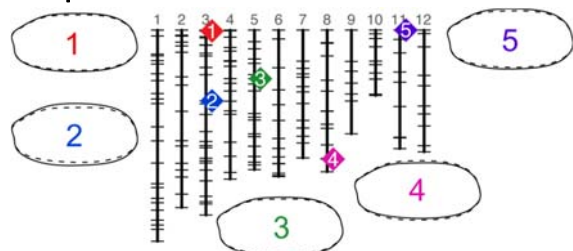
- ✓ QTL 解析, アソシエーション解析
- ✓ 定量的形質を支配する遺伝子の発見



Identification of target genes based on relationship between trait variation and DNA makers



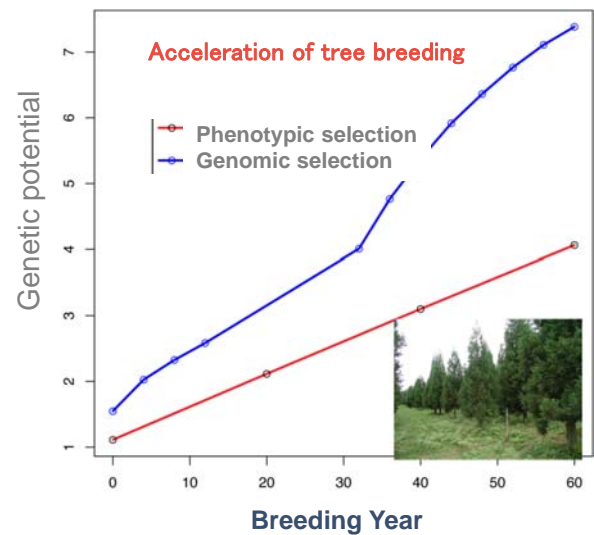
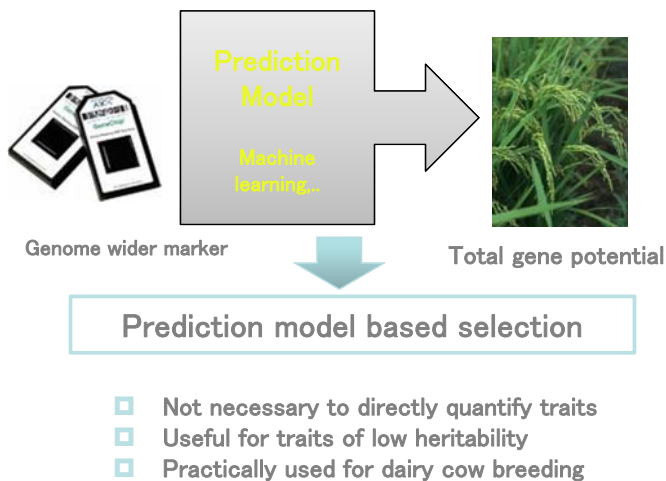
Identification of target gene signals by computational statistics



Location and effect of target genes are estimated by association analysis. The information is used for gene cloning and marker-based selection

# 遺伝子群のパフォーマンスの予測

- ✓ ゲノム情報を説明変数に表現型を予測する
- ✓ 予測値の基づいて選抜をする
- ✓ 実際に栽培する必要が無い
- ✓ 成長を待つ必要が無い



## 足りないデータは何か？

- 収量

$$y = f_y(G, E, M)$$

$G$ :遺伝子型  $E$ :環境  $M$ :栽培管理

$$y = G + E + M + G \times E + G \times M + E \times M$$

圧倒的に $y$ (フェノクス)が足りない

- 品質

$$q = f_q(G, E, M)$$

- 窒素流亡

$$n = f_n(G, E, M)$$

- 必要水量

$$w = f_w(G, E, M)$$

.....

- 収益

$$b = f_b(G, E, M)$$

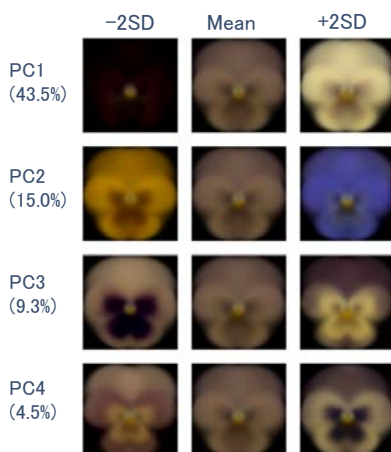


# フェノタイピングの課題

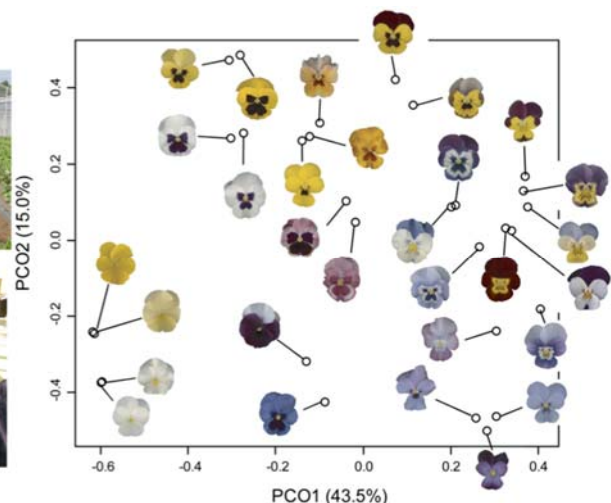
- 高速なジェノタイピングで得られる膨大な遺伝情報と対にする表現型データ収集が旧来の方法では追いつかなくなりつつある
  - 低速, 非効率, 高コスト, 定性的・主観的
- 現場農業におけるより精度の高い意思決定支援のためにも必要
- 測定対象
  - 形態, 生理, 能力(生産力, 耐病性, ……)
  - 環境
- さまざまな時空間的, 環境での評価
- 求められるもの
  - 定量性
  - 高速性
  - 容易な測定と解析
  - 信頼性
  - 低コスト
  - 非破壊
  - 標準化

## 形質の定量化

- ✓ 色, 形, 模様, 嗜好性などの定量化
- ✓ 画像解析や計算機統計学の活用



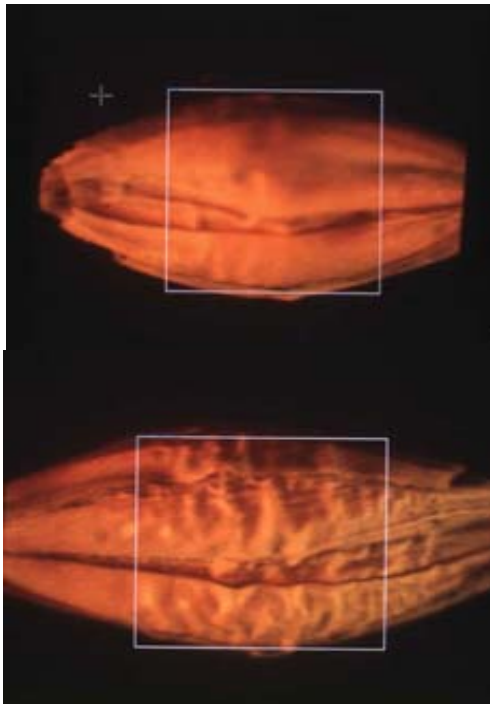
Evaluation of color pattern



Quantification of color pattern preference by human

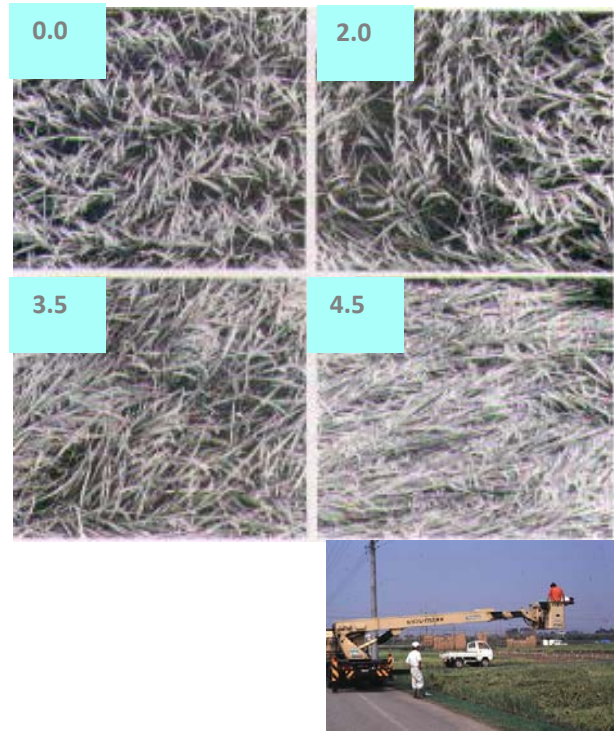
# 形質の定量化

Degree of wrinkles on barley husks



Euphytica 64.:113-121, 1992

Degree of lodging in paddies



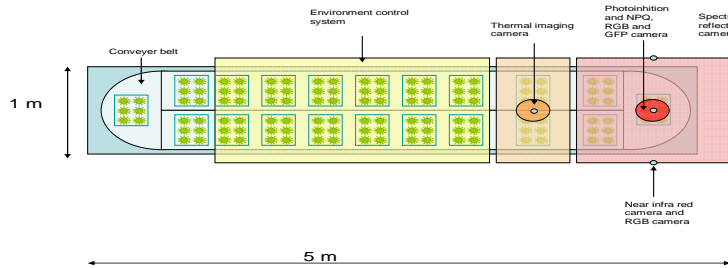
J. Agric. Biol. & Environ.Stat. 7:389-402, 2002

# 形質評価のIT化





# 世界に広がるPlant Phenotyping Center



**scanalyzer<sup>3D</sup> scanning modes**

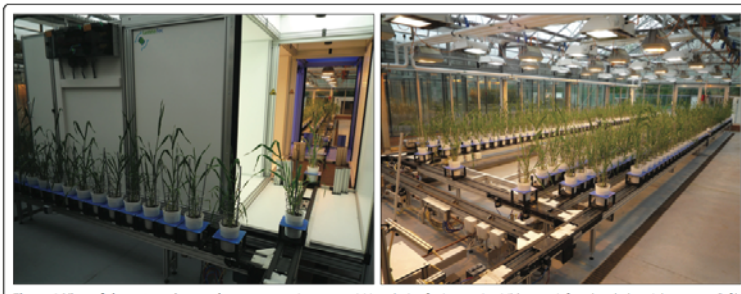
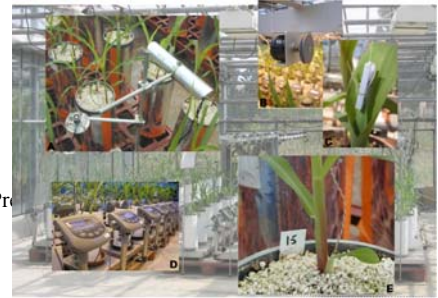
Scanning in different wavelength and modes

1. RGB visible light
2. NIR near infrared light
3. FLUOR fluorescent light
4. IR infrared light
5. ROOT NIR / RGB

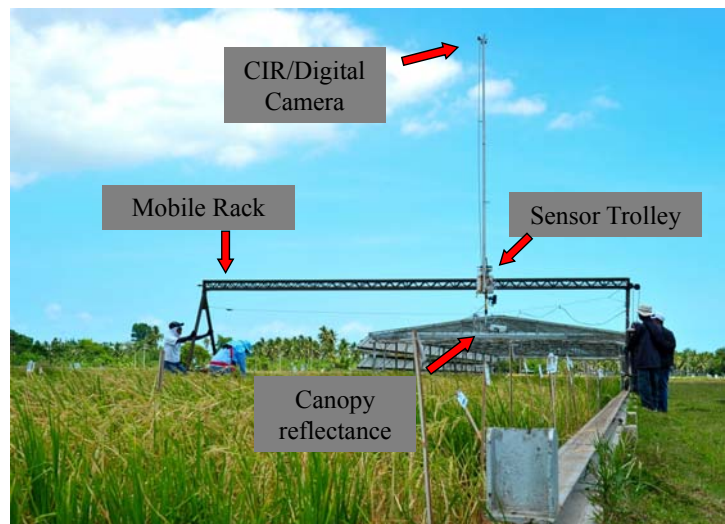
**scanalyzer<sup>3D</sup> multiple imaging**

3D imaging of full plants

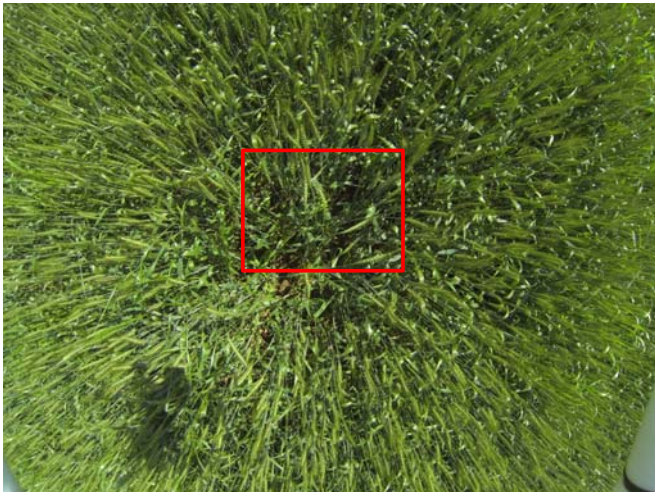
1. Top View
2. Side View
3. Side View 90°
4. more views optional



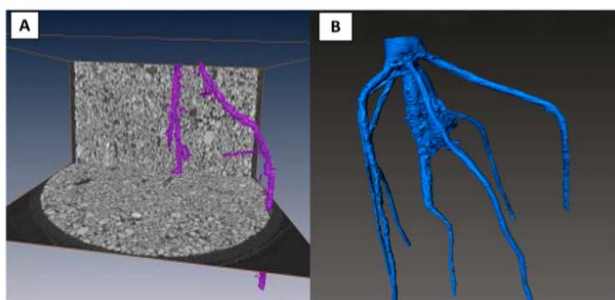
# 半自動フェノタイピング IRRI







## 見えにくいものを計測する



Tracy et al. (2010) J Exp Bot 61:311b

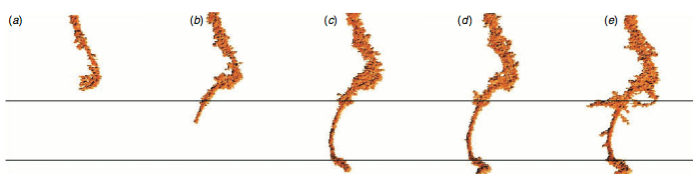
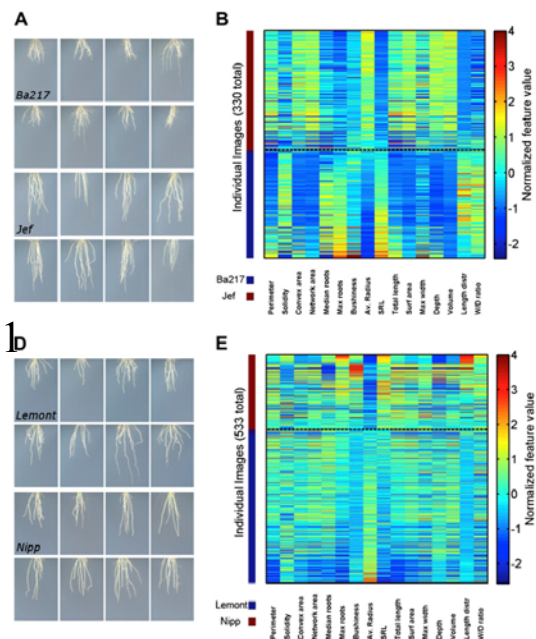


Fig. 3. Growth of a rape seedling through a soil band sandwiched between two sand layers measured with the X-ray instrument described by Gregory *et al.* (2003). The horizontal lines indicate the upper and lower boundaries of the soil band which was ~7 mm deep: (a) the single root 2 days after germination; (b) after 3 days the root has penetrated into the soil layer; (c) the root then passed through the soil layer (4 days) and (d) 5 days; and (e) after 8 days, production of lateral roots had started in the soil band.



Iyer-Pascuzzi et al. (2010) Plant Physiology 152:1148

- 根の形状を解析 (NMR, X-ray CT, 透明培地など)

東京大学 岩田洋佳先生のご厚意により提供



# フィールドフェノミクス = ゲノム+環境+表現型+計測技術

<解決すべき課題>

地球規模の環境変動と  
資源崩壊下での  
食料生産の増大

実験室における基礎研  
究の積み上げだけでは  
決して解決できない！



*Information collection*

情報の網羅的収集  
フェノミクス、ゲノミクス、  
環境オミクス

*Integrative modeling*

統合的モデル化  
フィールドインフォマティクス、  
バイオインフォマティクス

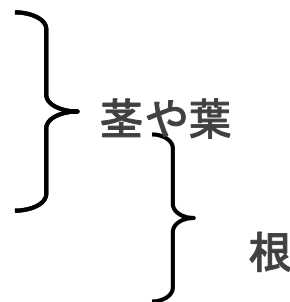
*Implementation*

食糧問題  
エネルギー問題の解決へ  
環境適応品種  
革新的栽培技術

## 画像はフェノタイピング高速化に有望なデータ

### ● 各種の撮像技術

- 赤外, IR
- 蛍光, FL
- ライダー, LIDAR
- 可視光, RGB
- 近赤外, NIR
- 核磁気共鳴, MRI
- ポジトロン断層撮影, PET
- X線コンピュータ断層撮影, CT Scan



### ● それらを活用するために

- 野外でも通用するシステム
- 最大限の自動化と高速・高精度・高精細
- 高速画像処理技術
- データベースの充実とデータ統合, クラウド化
- 対応環境データの計測

# 画像はフェノタイピング高速化に有望なデータ



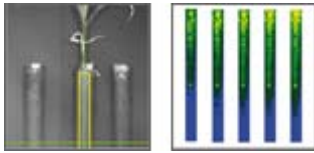
赤外画像



可視画像



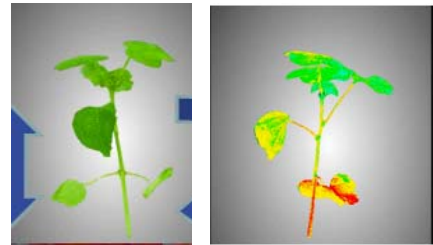
蛍光画像



近赤外による根圏撮像

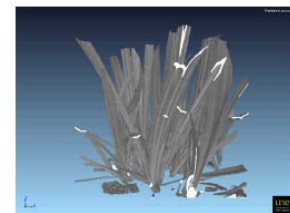


近赤外による茎部撮



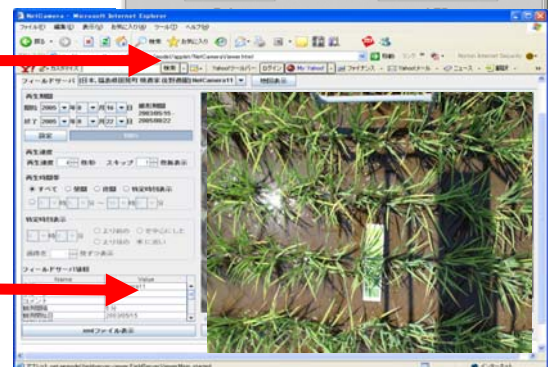
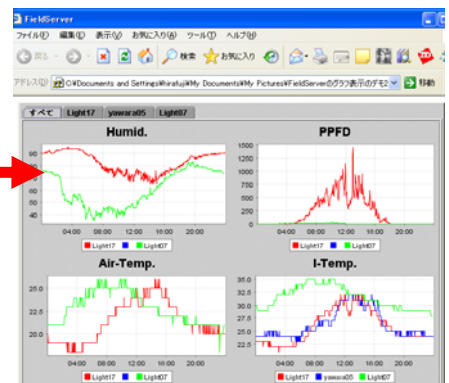
3D再構築

- 自然光下で撮影された画像の利用
  - 光条件や風などで画像は刻々と変化
  - 鏡面反射や影の影響除去は重要課題
  - 標準的な画像処理手法は使えない



ライダー 3D画像

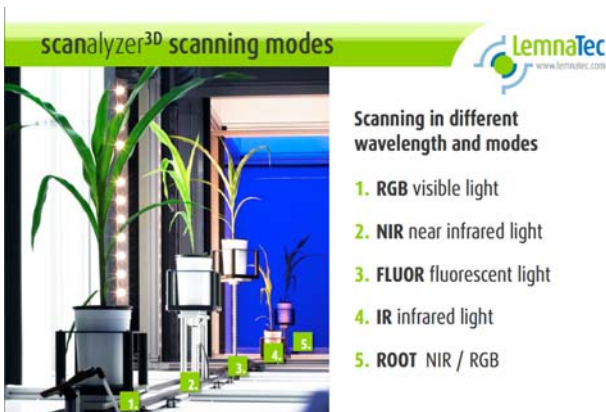
## 容易となる圃場画像収集



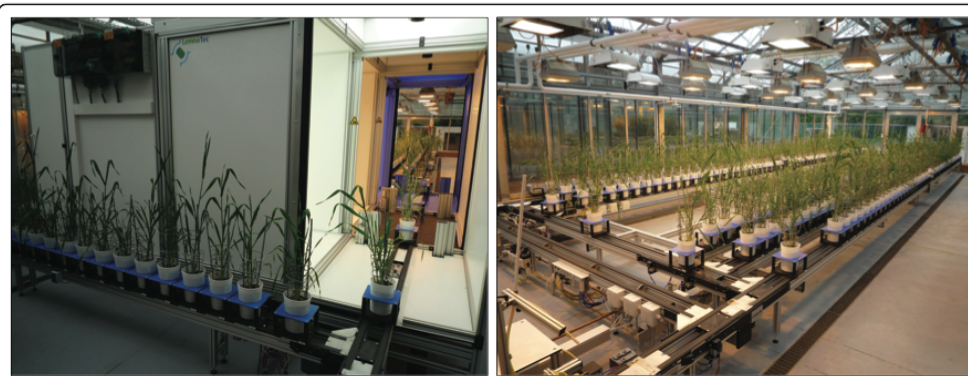
## 時系列画像の活用

- 生育ステージの自動測定
  - 葉身数の測定
  - 出穂期の判定
  - 葉身の生育パターン追跡
- これまで見えなかった生育変化を追跡可能
- 複数画像の解析結果をあわせることによる精度向上
- 気象データ(e.g. 風速)とあわせることで不適當な画像を除去可能

## 温室における経時的計測

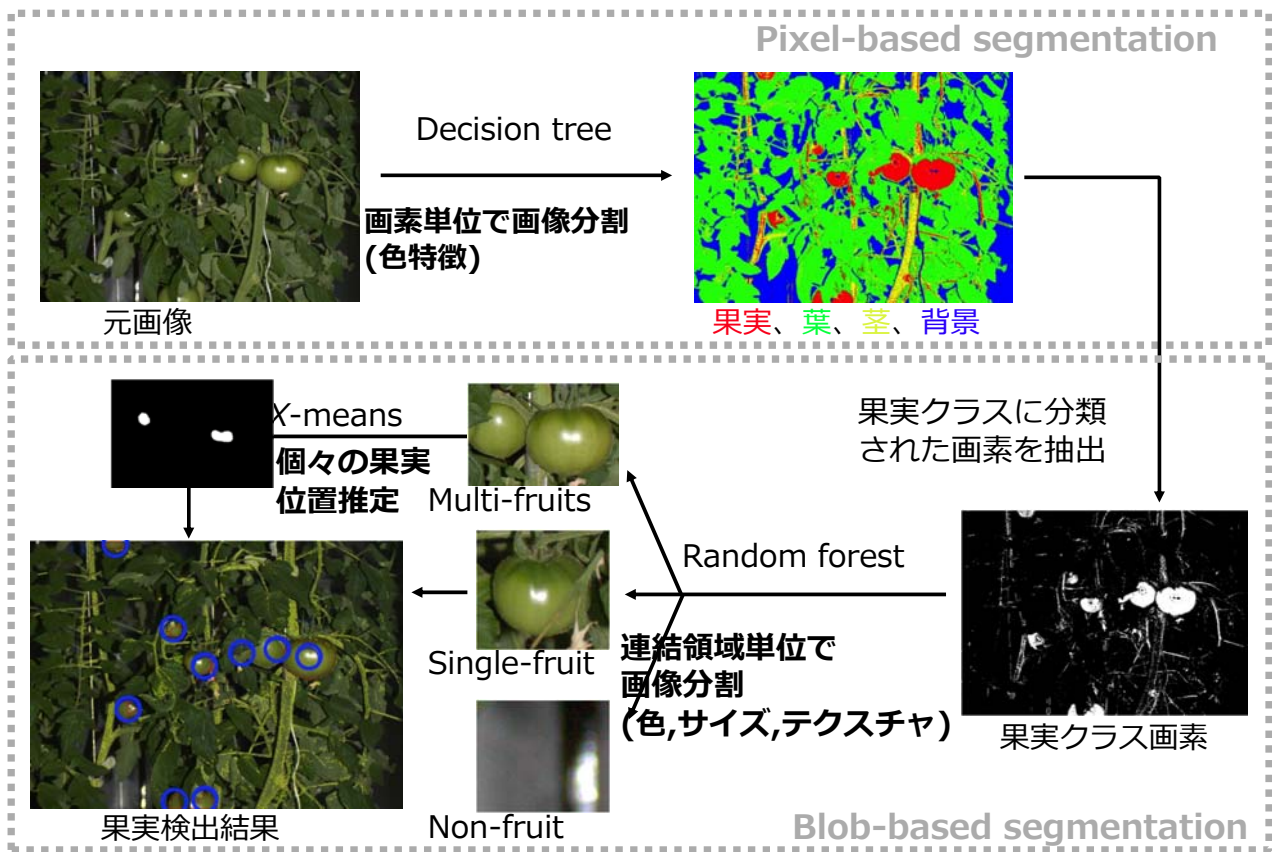


[http://www.lemnatec.com/sites/default/files/application-sheets/2011/09/23/LemnaTec\\_Presentation\\_Varna\\_CMBPS.pdf](http://www.lemnatec.com/sites/default/files/application-sheets/2011/09/23/LemnaTec_Presentation_Varna_CMBPS.pdf)

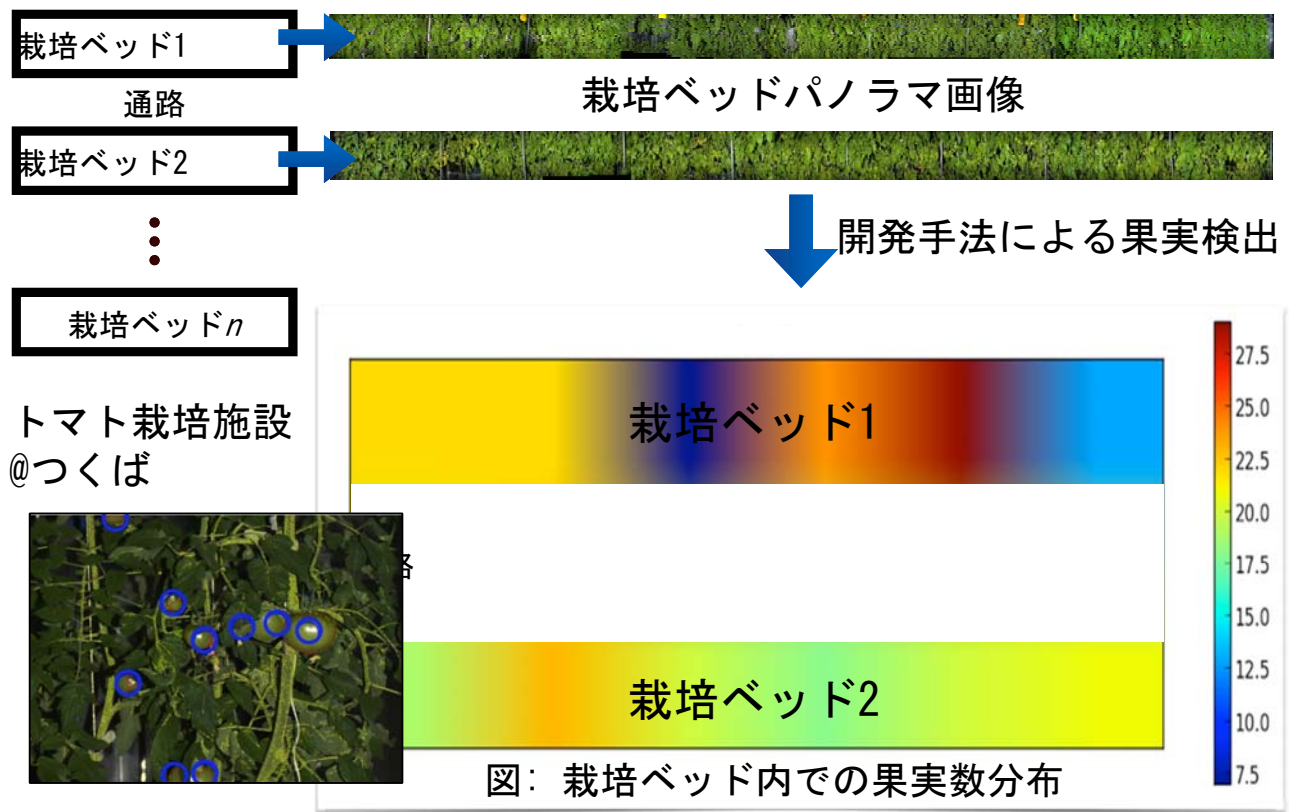




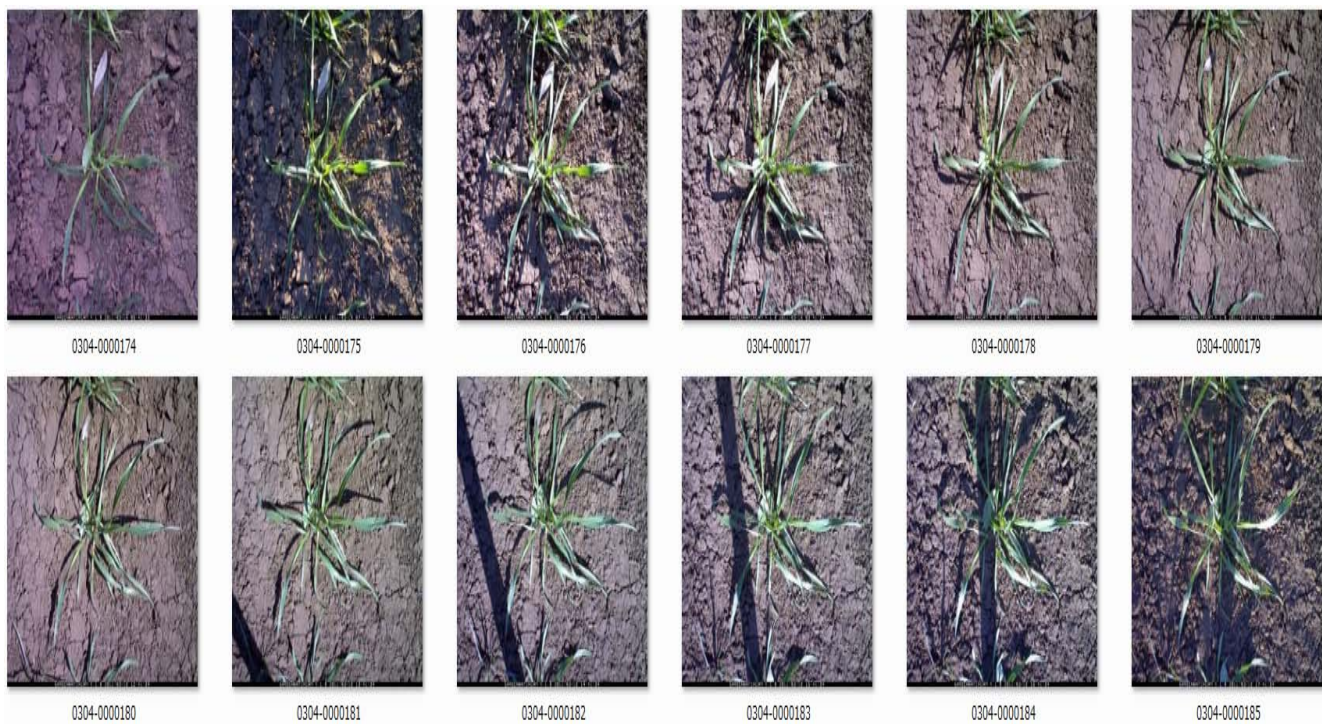
# 時系列トマト画像からの果実抽出



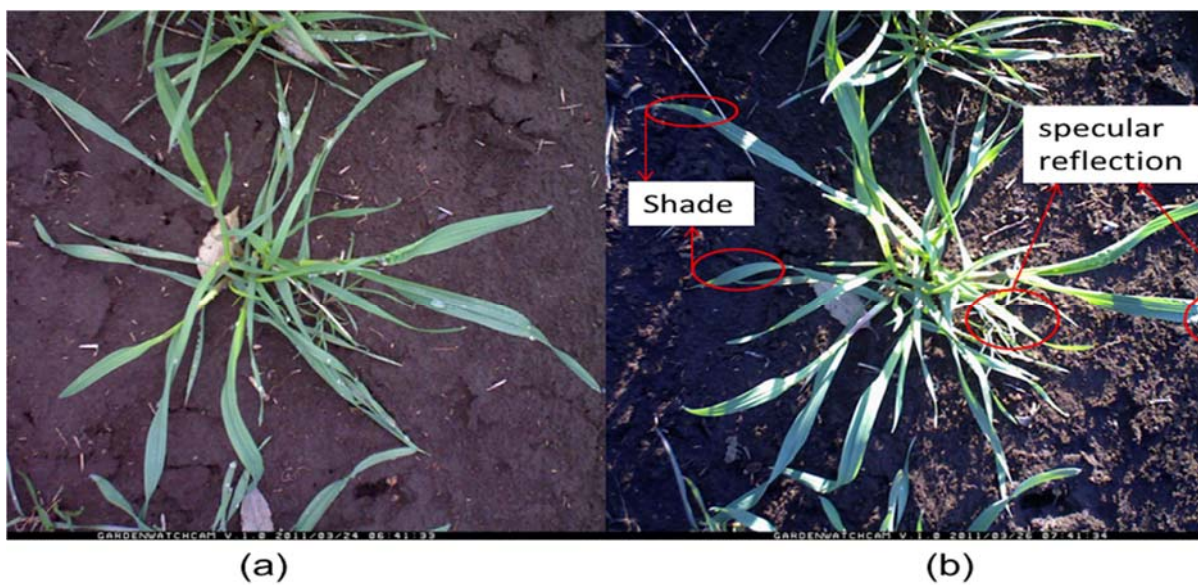
## 着果期以降におけるトマト樹体画像からの自動果実検出



## 自然環境下では光条件や風などで画像は刻々と変化

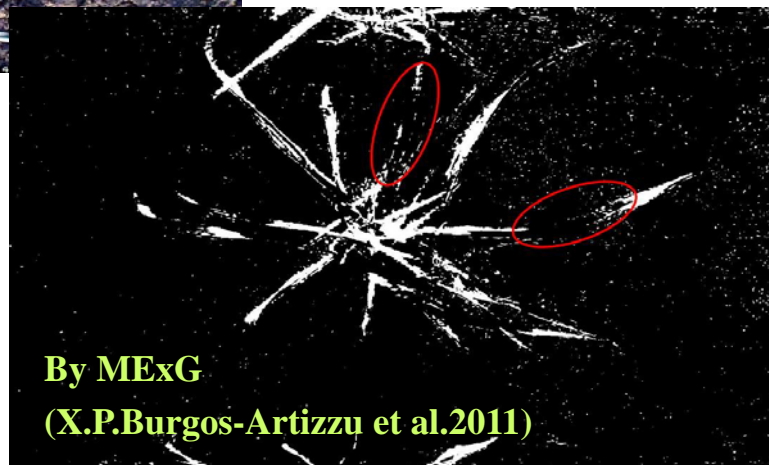


## 光条件により困難性が変化





## 鏡面反射や影の影響除去は大きな課題



By MExG  
(X.P.Burgos-Artizzu et al.2011)

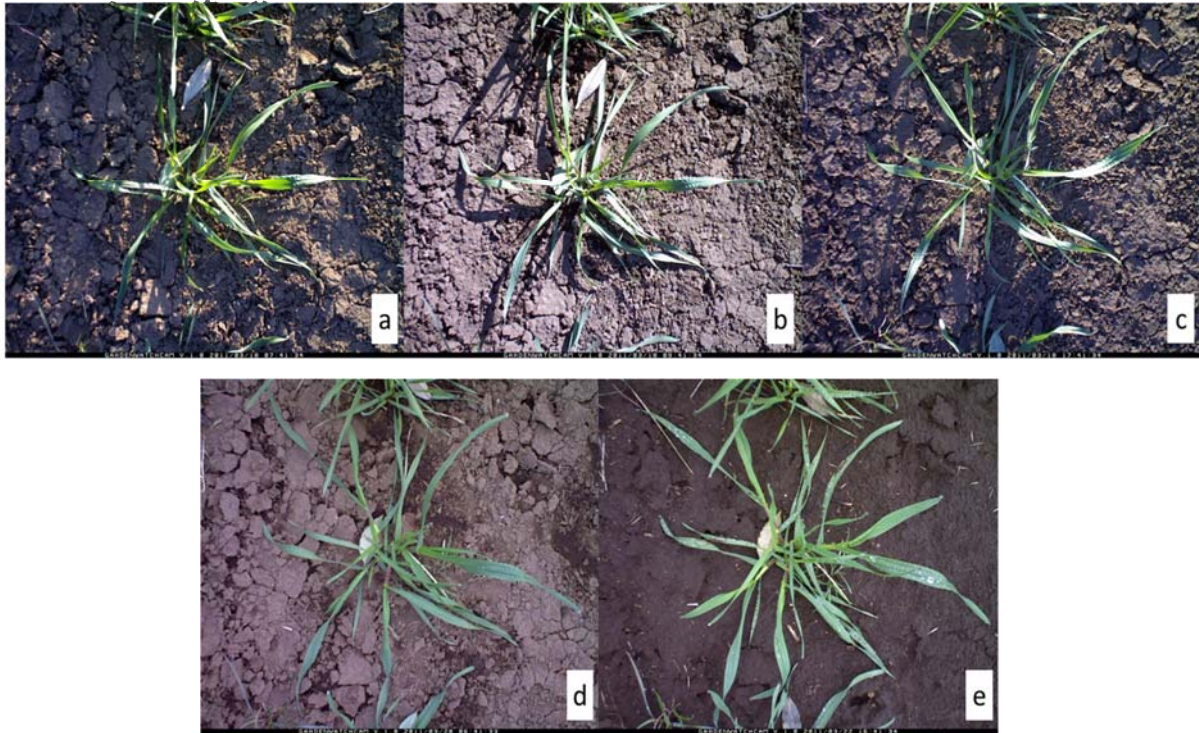
## 機械学習によるアプローチ

- CART(決定木)を採用
- 学習用画像を光環境の多様性を考慮して選択後, 目視で作物部分と背景を学習
- 学習ツールを利用して20万画素程度を数分でサンプル

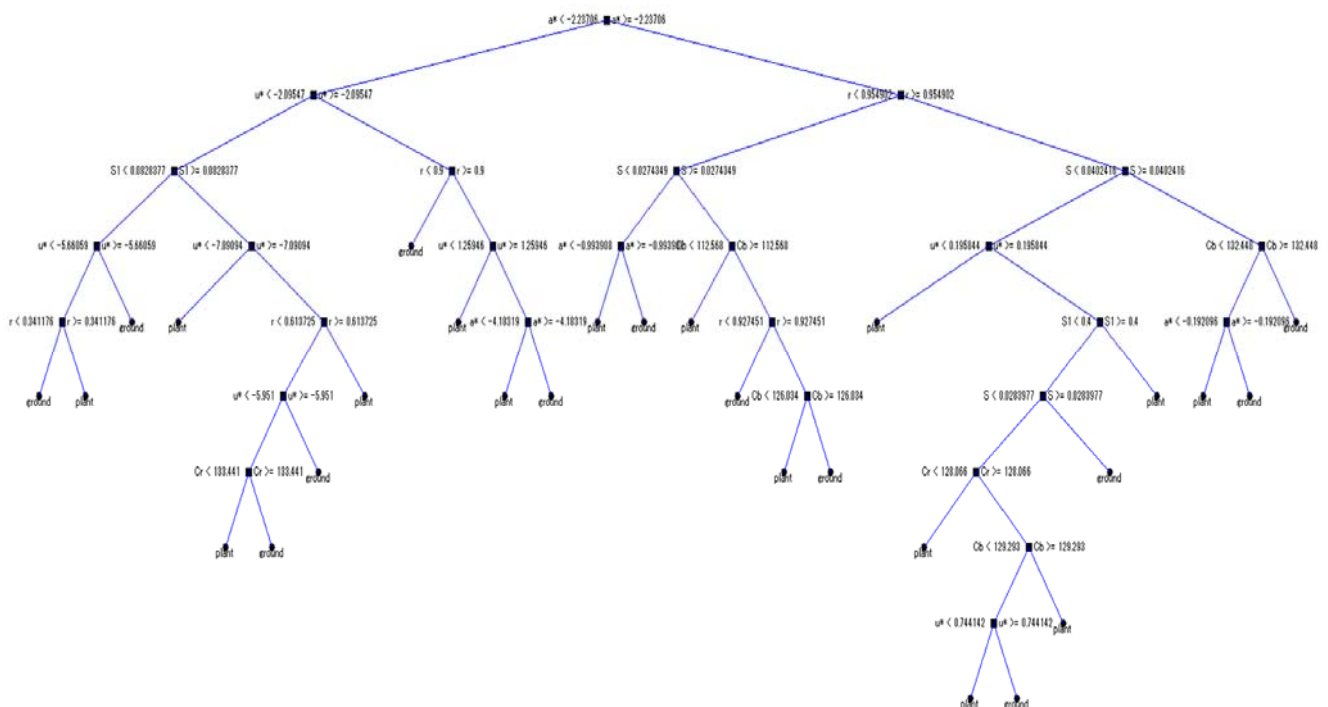


## 学習用画像

- 2011年データより, 光環境の多様性を考慮しながら選択
- 約2週間にわたり日の出から日の入りまで1時間毎に撮影し

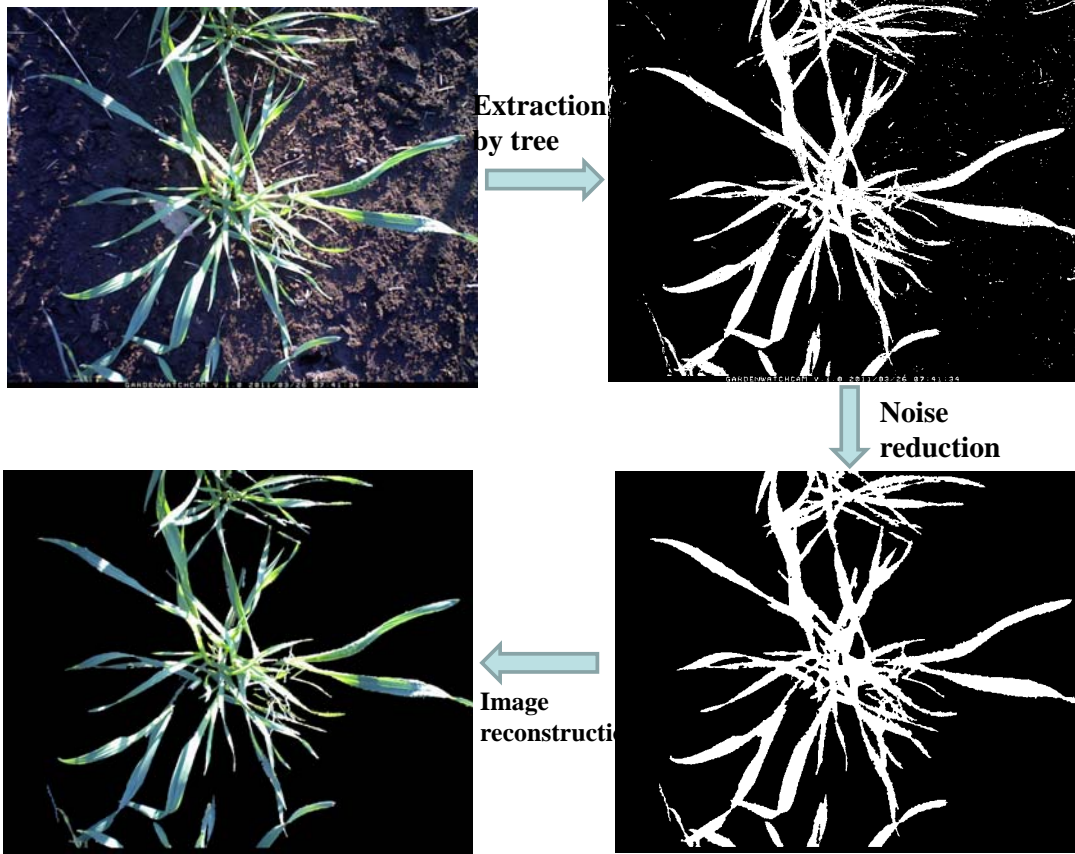


18種類の色特徴量 (r, g, b; Y, Cb, Cr; H, S, L; H, S, V; L\*, a\*, b\*; L\*, u\*, v\*) 決定木の構築 (CART アルゴリズム)





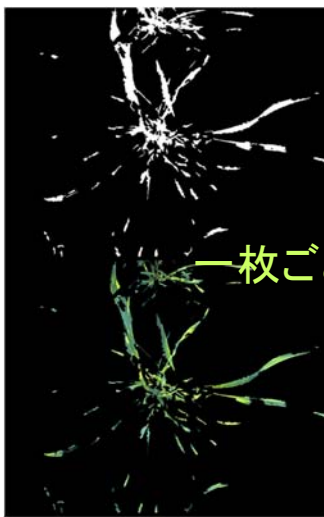
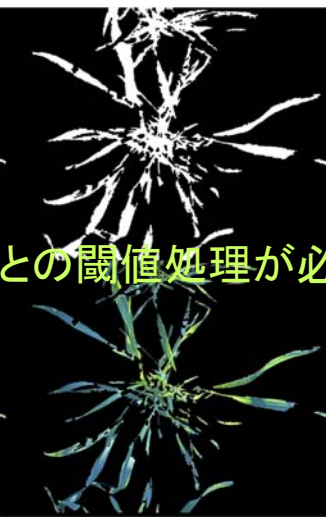
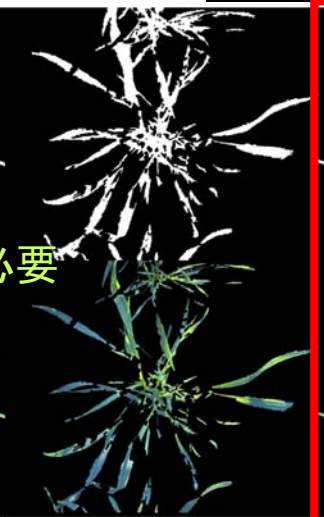

# 植物抽出課程



## 既存手法との比較



一枚ごとの閾値処理が必要

			
ExG	ExG-ExR	MExG	Proposed

(Woebbecke et al., 1995)

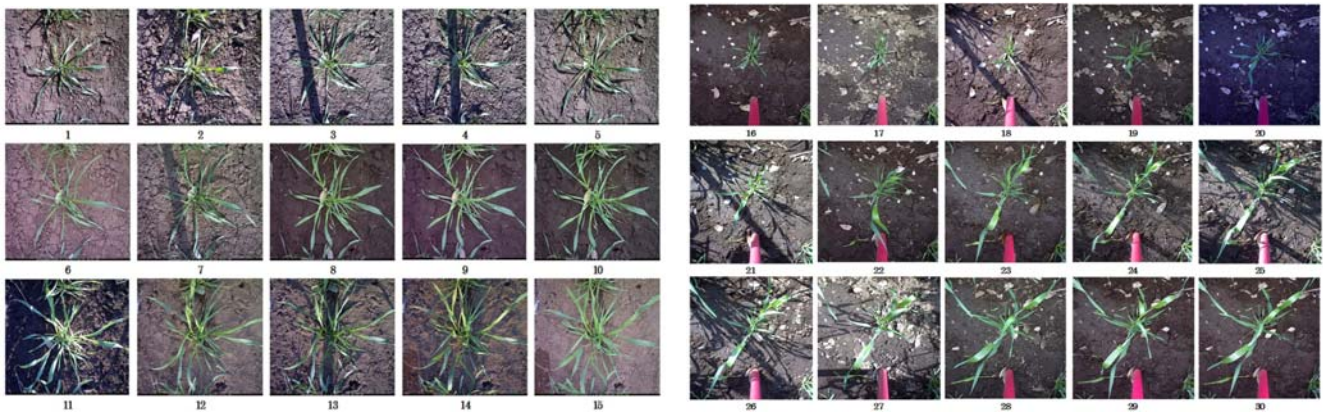
(Meyer and Neto, 2008)

(Burgos-Artizzu et al., 2011)

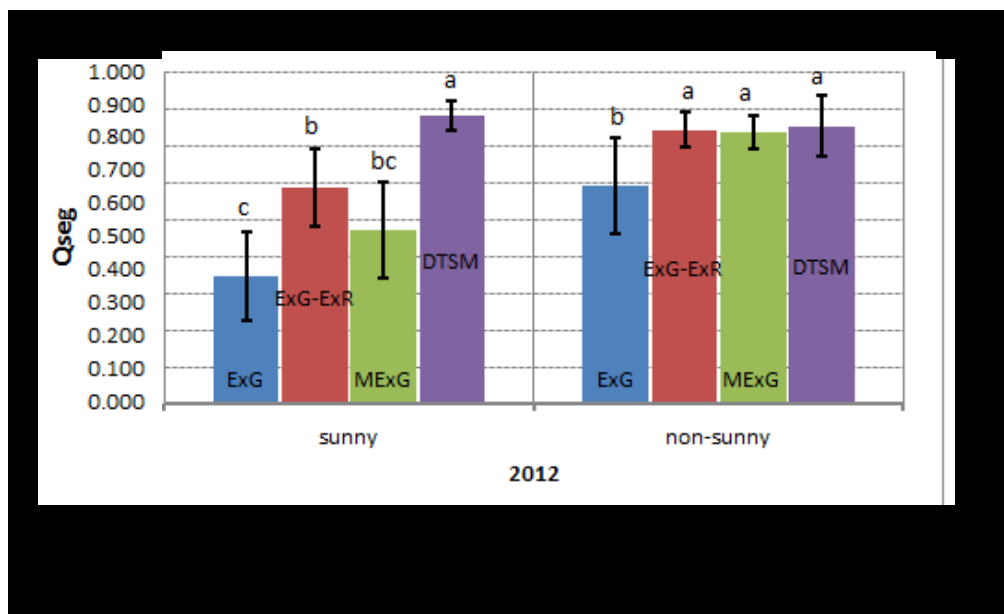


# 検証用データ

- 2011年と2012年の二作期よりのデータ
- 日の出から日の入りまで1時間毎に約2週間撮影された画像からランダムに各年度15画像を選択
- 検証用画像について、マニュアルで作物部分を切り出し正解画像を作成
- 評価はSrとQsegで行う

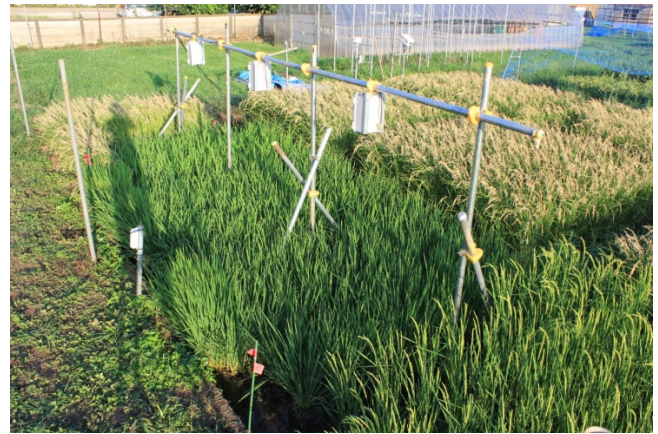
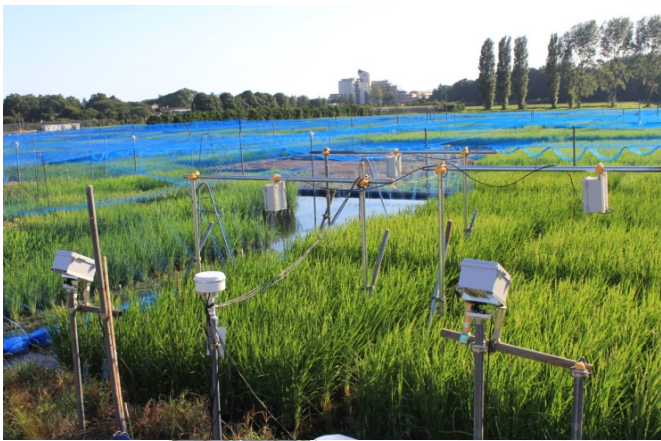


## 精度の検証(既存手法との比較)



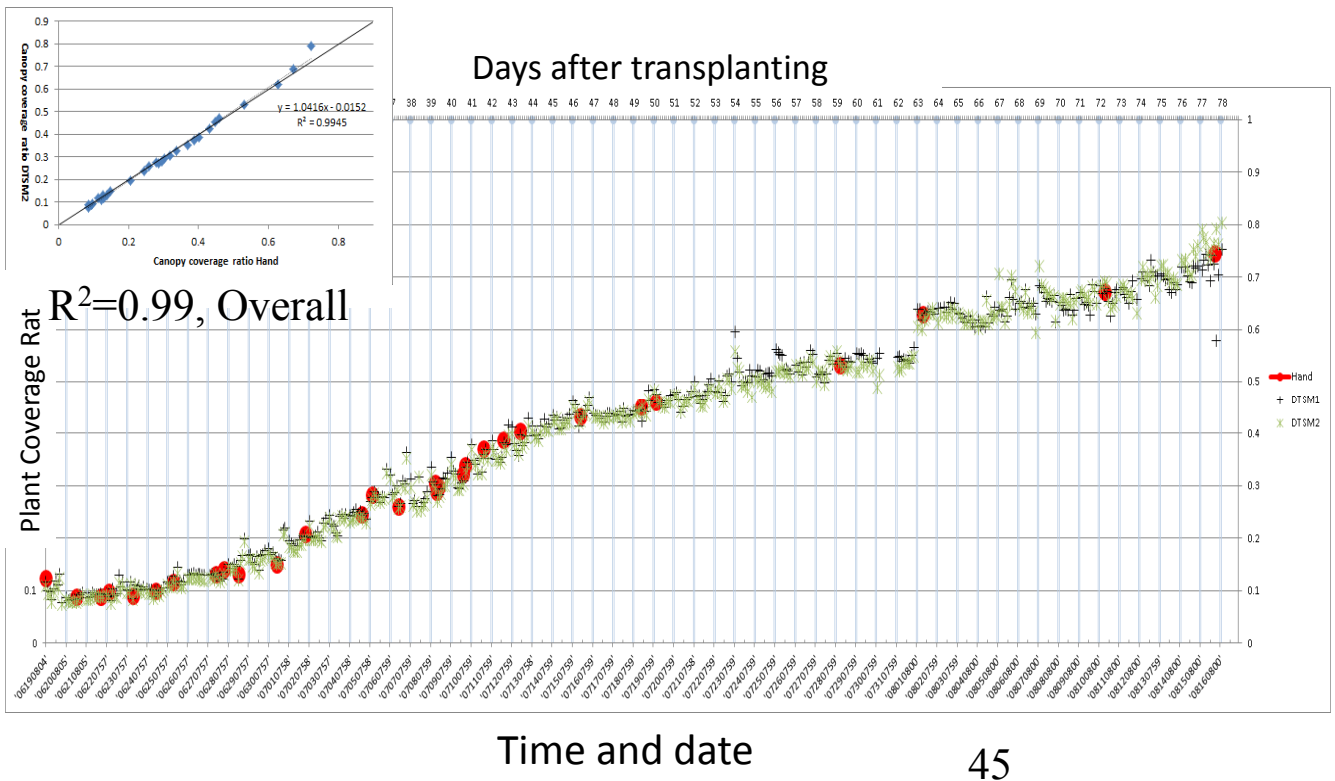


## 時系列画像の利用





# 光環境に左右されない高精度植被率推定



## 藻や雑草はどうする？



rice2012kin1152



rice2012kin1235



rice2012nihon0863



rice2012nihon0962



rice2012nihon1136



rice2012nihon1151



rice2012nihon1207



rice2012nihon1328



rice2012taka0508



ある程度はいけるが.....



稲の開花を自動認識



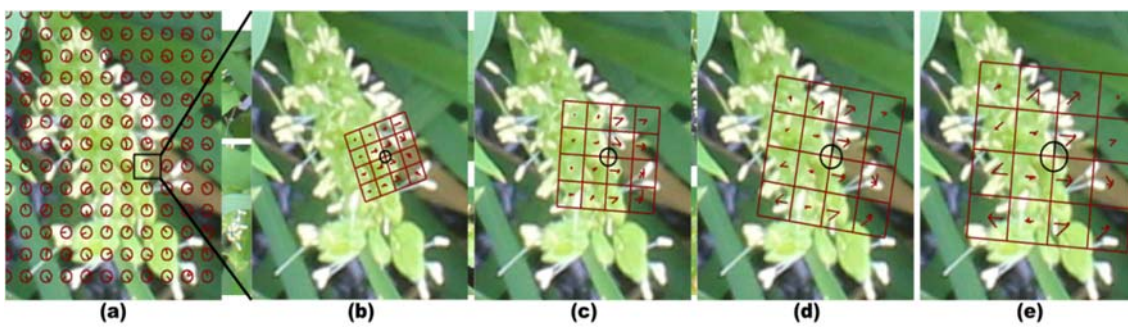


## 日内の開花状況



49

## SIFT特徴量



- 回転不変, 照明不変
- 特徴量計算領域を4スケールで求める
  - $128 \times 4 = 512$ 次元
- 各サンプル点でクラスタリング (k-means) し画像毎に各クラスタの出現頻度
- 出現頻度をSupport Vector Machine (SVM)で学習

50

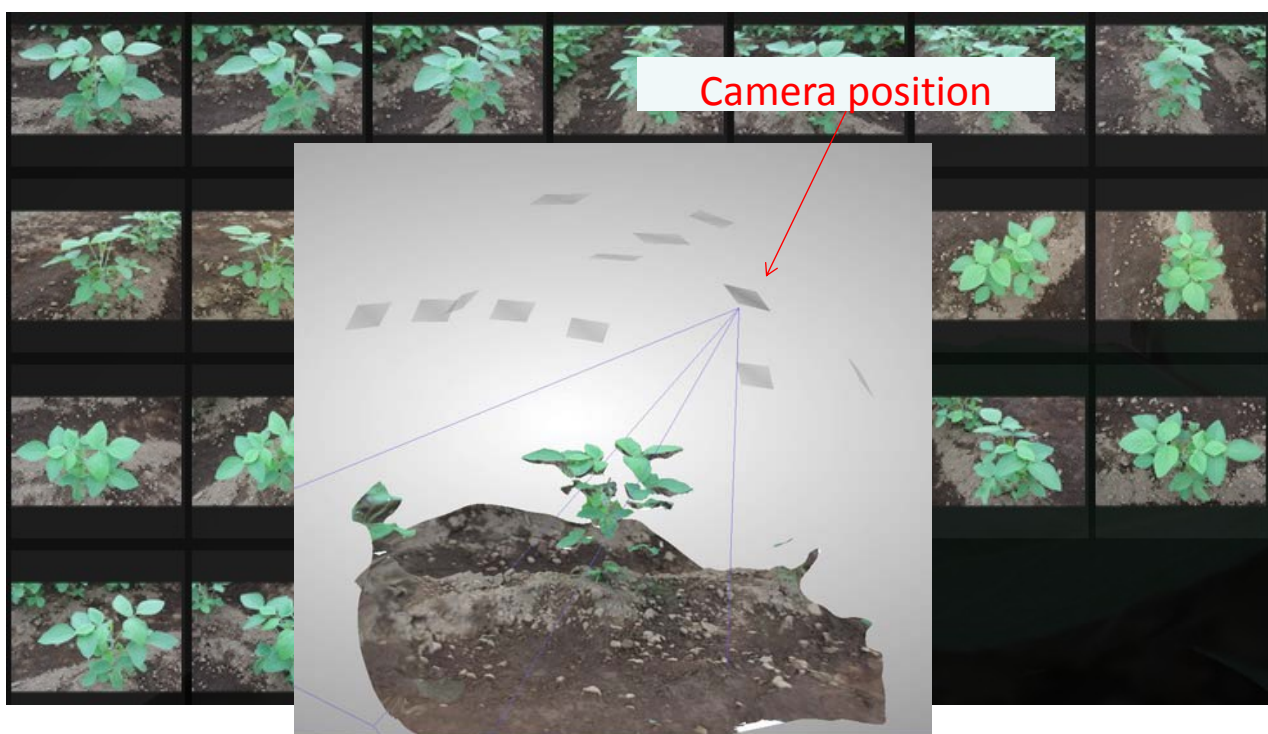




センサープラットフォームとしてドローンの可能性は極めて大きい

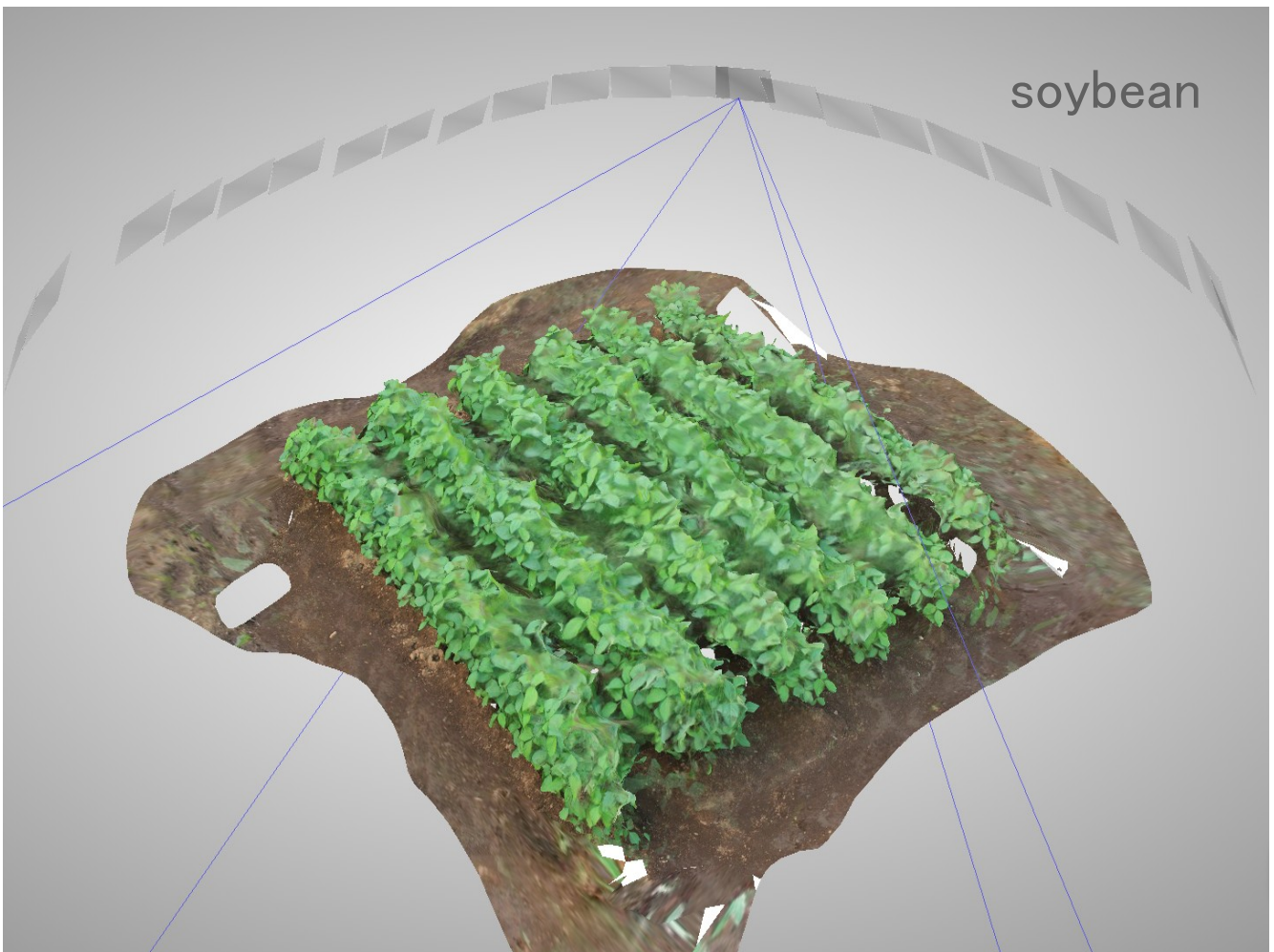


3D reconstruction from randomly taken images





# Reconstructed 3D

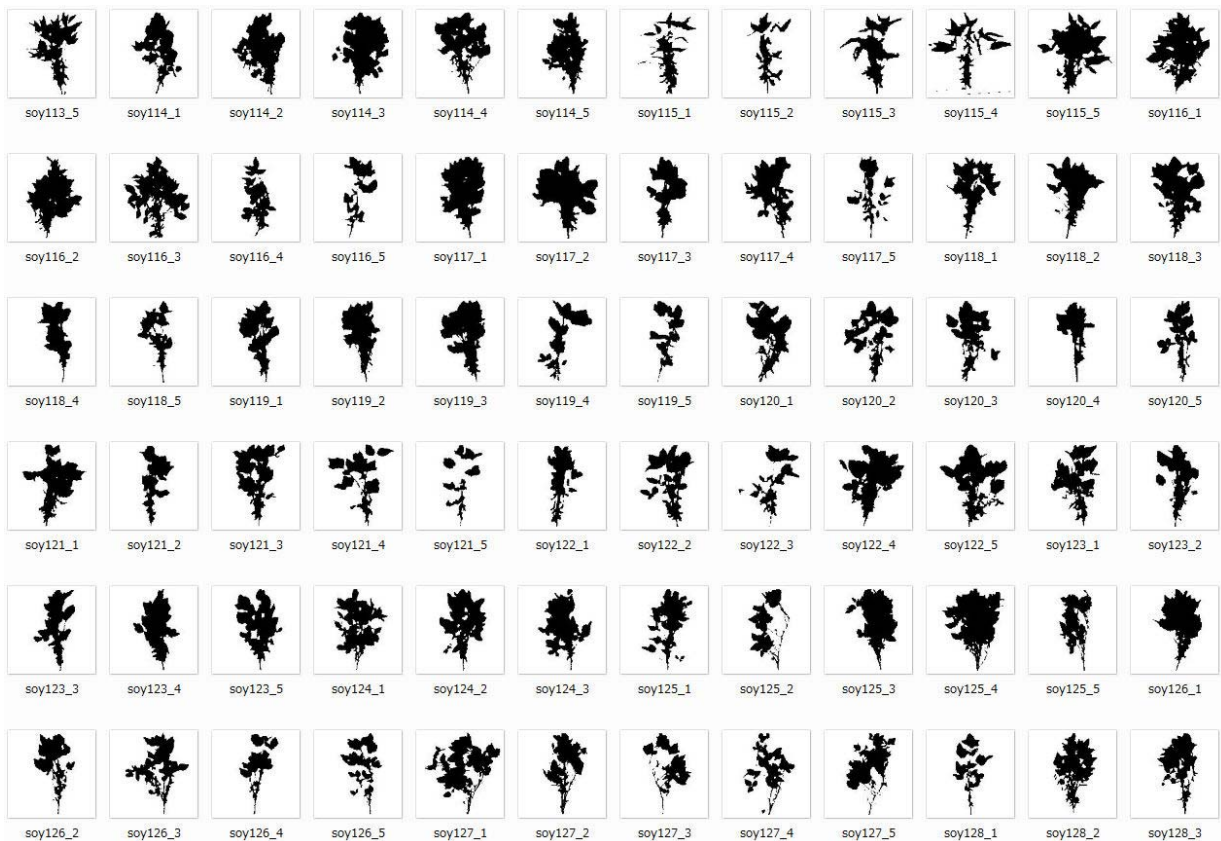




# ダイズ育種における目視による草姿選抜の模倣

- 作物草姿は生産性に影響する重要な形質
  - 受光態勢
  - 耐倒伏性
  - ガス交換効率
  - 雑草との競合性
  - 収穫適性, 栽培管理適性
- 形質によっては, 計るべき対象が何かはつきりしていない場合もある.
- 例えば, 育種における草姿選抜のように, 専門家の目視判断に依存しているものがあげられる.
- そのような場合, 専門家の判断を模倣するようモデル化することで評価の効率化と客観化が計れるかもしれない

## さまざまなダイズ草姿



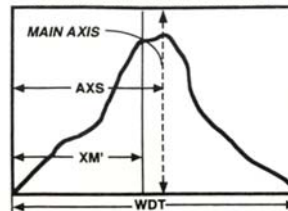
# 育種家による判断例



## 特徴量抽出

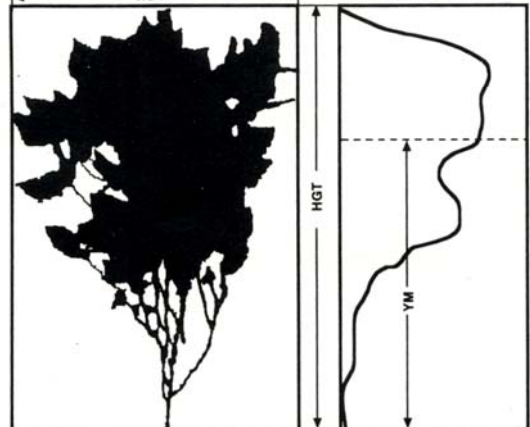


### HORIZONTAL DISTRIBUTION



**AREA** = Area of Plant Projection (mm<sup>2</sup>)  
**AXS** = Position of Main Axis (mm)  
**D** = AREA / (WDT X HGT)  
**XM'** = Mean of Horizontal Distribution (mm)  
**XD1** =  $\beta$  | AXS - XM' | (mm)  
**XD2** =  $\beta$  | AXS - WDT/2 | (mm)  
**XSD** = Standard Deviation of Horizontal Distribution (mm)  
**YM** = Mean of Vertical Distribution (mm)  
 $\beta$  = 1000 / HGT (mm)

### VERTICAL DISTRIBUTION



- WDT: Width of plant
- HGT: Height of plant
- D: Occupation of plant projection in the rectangular
- AREA: Area of plant projection
- WDT\*: Normalized width against a unit height
- XD1: Degree of plant bending
- XD2: Discrepancy between mid range of X-distribution and the main axis
- YM: Mean of Y-distribution
- XSD: s.d. of X-distribution
- YSD: s.d. of Y-distribution
- XSK: Skewness of X-distribution
- YSK: Skewness of Y-distribution
- XKU: Kurtosis of X-distribution
- YKU\*: Kurtosis of Y-distribution
- XFT: Discrepancy of X-distribution from uniform distribution
- YFT: Discrepancy of Y-distribution from uniform distribution

- WEIGHT: Fresh weight
- PETIOLE: Mean Petiole Length of Upper 5 Nodes
- SCORE: Shape Scores Given by Expert**

## 判別性能(クロスバリデーション)

- 1名の育種家による180品種, 875個体の草姿評価データを用いてで学習と評価

Fuzzy		Model			Total
		Bad	Fair	Good	
Breeder	Bad	161	95	24	280
		0.575	0.339	0.086	
	Fair	89	178	137	404
		0.220	0.441	0.339	
	Good	10	35	146	191
		0.052	0.183	0.764	

Linear		Model			Total
		Bad	Fair	Good	
Breeder	Bad	197	59	24	280
		0.704	0.211	0.086	
	Fair	114	159	131	404
		0.282	0.394	0.324	
	Good	12	42	137	191
		0.063	0.220	0.717	

NN		Model			Total
		Bad	Fair	Good	
Breeder	Bad	194	76	10	280
		0.693	0.271	0.036	
	Fair	124	170	110	404
		0.307	0.421	0.272	
	Good	8	30	153	191
		0.042	0.157	0.801	

Fuzzy		Model		Total
		Bad+Fair	Good	
Breeder	Bad+Fair	523	161	684
		0.765	0.186	
	Good	45	146	191
Error rate		0.235		

Linear		Model		Total
		Bad+Fair	Good	
Breeder	Bad+Fair	529	155	684
		0.773	0.186	
	Good	54	137	191
Error rate		0.239		

NN		Model		Total
		Bad+Fair	Good	
Breeder	Bad+Fair	564	120	684
		0.825	0.186	
	Good	38	153	191
Error rate		0.181		

## データの見直しと決定木による判別

- 同じ875データに3名の育種家の評価を得て, 同じ評価の325データのみをモデル学習と評価に用いる
- 判別モデルに決定木 (CART)を利用
- 他のモデルも試みたが決定木が最も高性能

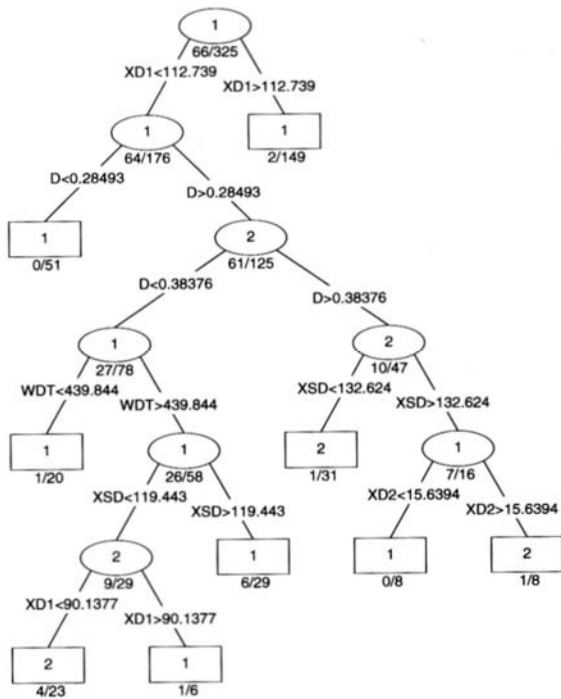
### Three classes, CV

Tree		Model			Total
		Bad	Fair	Good	
Breeder	Bad	150	16	0	166
		0.904	0.096	0.000	
	Fair	27	55	11	93
		0.290	0.591	0.118	
	Good	2	7	57	66
		0.030	0.106	0.864	

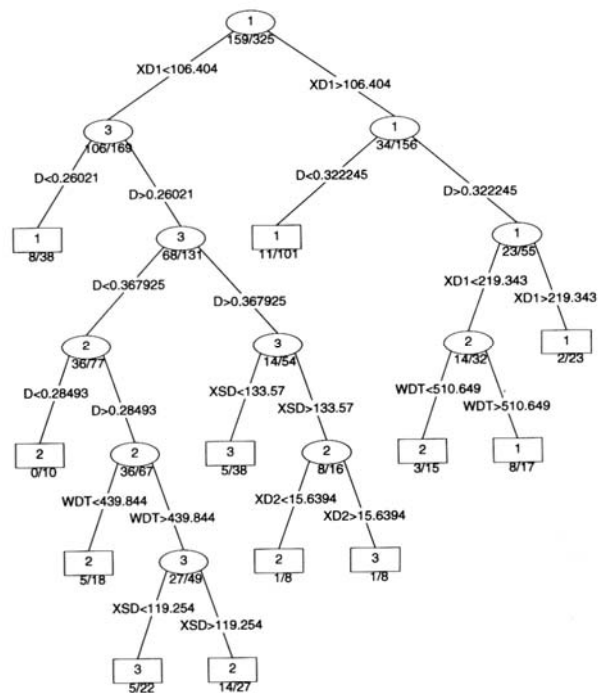
### Two classes, CV

Tree		Model		Total
		Bad+Fair	Good	
Breeder	Bad+Fair	253	6	259
		0.977	0.023	
	Good	10	56	66
Error rate		0.049		

# 構築された決定木



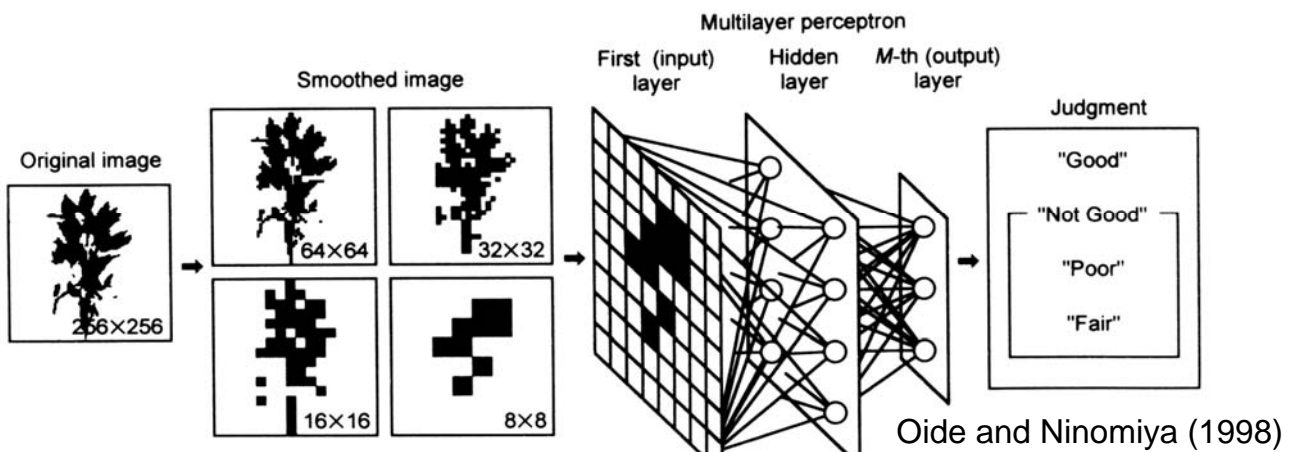
Two classes (5 features out of 18)  
Error rate = 0.05



Three classes (5 features out of 18)  
Error rate = 0.19

## 特徴量抽出無しで判別できないか

- 特徴量抽出が無ければ一気に汎化できる可能性
- 画像データを直接ニューラルネットワークへの入力とする
  - 3名の育種家の同じ評価を得た326データを対象
  - ランダムに選んだ20%のデータでNNを学習し, 残りで評価
  - 画像は草丈が同じになるように標準化



# 画像直接入力多層パーセプトロンの判別性能

- 一切の特徴量抽出なし
- NNの収束に膨大な時間
- 最適のNN構造(画像サイズ, 層の数)を決めるのが困難

Two classes, 64X64 Image, evaluation by test data set

MLP		Model		Total
		Bad+Fair	Good	
Breeder	Bad+Fair	206	54	260
		0.792	0.208	
	Good	24	42	66
		0.364	0.636	
Error rate		0.239		

## 線形ニューラルネットワークの利用

- 利用できれば一気に計算コストを低減可能
- データ
  - 3名の育種家の同じ評価を得た326データを対象
  - 20%のデータを学習に使い, 残りで評価
- モデル
  - Hopfield Network
  - Simple peceptron
- 学習データ
  - 学習データの平均画像 = 形状分布



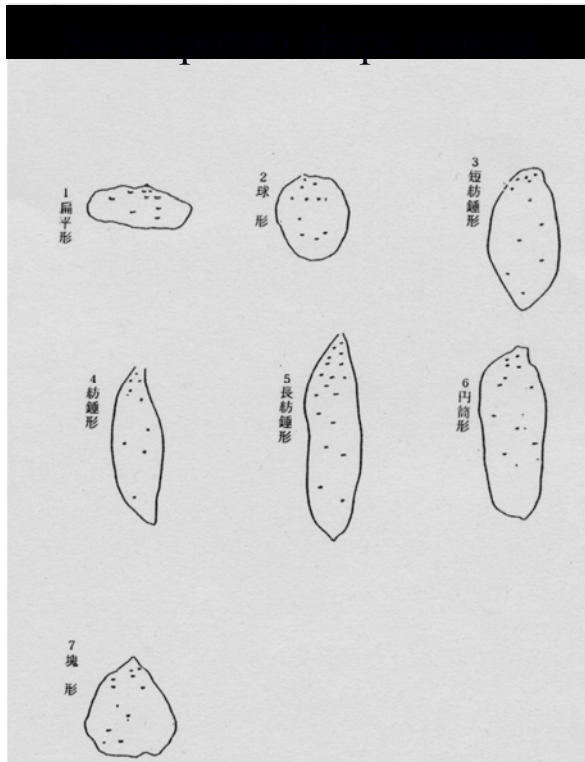
## 2クラス判別での結果のまとめ

Models	Input variables	Data	Class			Accuracy Rate		
			Bad	Fair	Good	Overall	Good	Poor
						CV	CV	CV
Fuzzy Logic	4	875	●+●		●	0.76	0.76	0.76
Linear Discriminant Functio	4	875	●+●		●	0.76	0.72	0.77
Three Layer Pecptron	4	875	●+●		●	0.82	0.80	0.82
<b>Decision Tree</b>	<b>5 out of 18</b>	<b>325</b>	<b>●</b>		<b>●</b>	<b>0.95</b>	<b>0.85</b>	<b>0.98</b>
Three Layer Pecptron	64X64 IMG	326	●		●	0.76	0.64	0.79
Simple Percptron	64X64 IMG	326	●		●	0.79	0.59	0.84
Hopfield Network	64X64 IMG	326	●		●	0.76	0.65	0.79

形状の定量評価



# 現状は定性的評価が中心



Melon white mildew

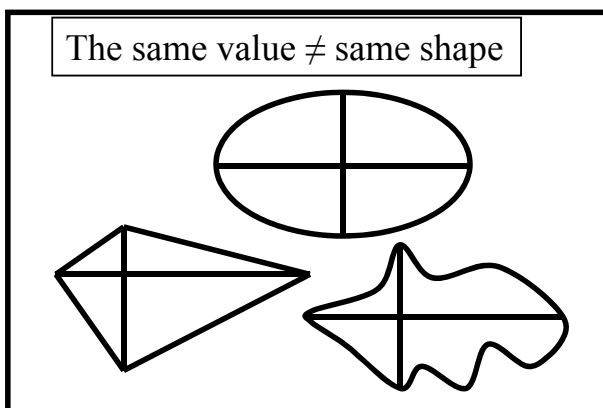


Rice blast

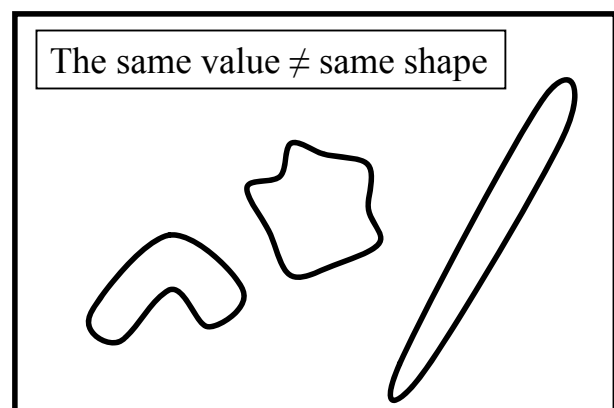
## 定量的評価ですらあまり役に立たないことも

- 形状の一部の情報のみ利用
- 単純な定量情報はかえってよくない

縦横比



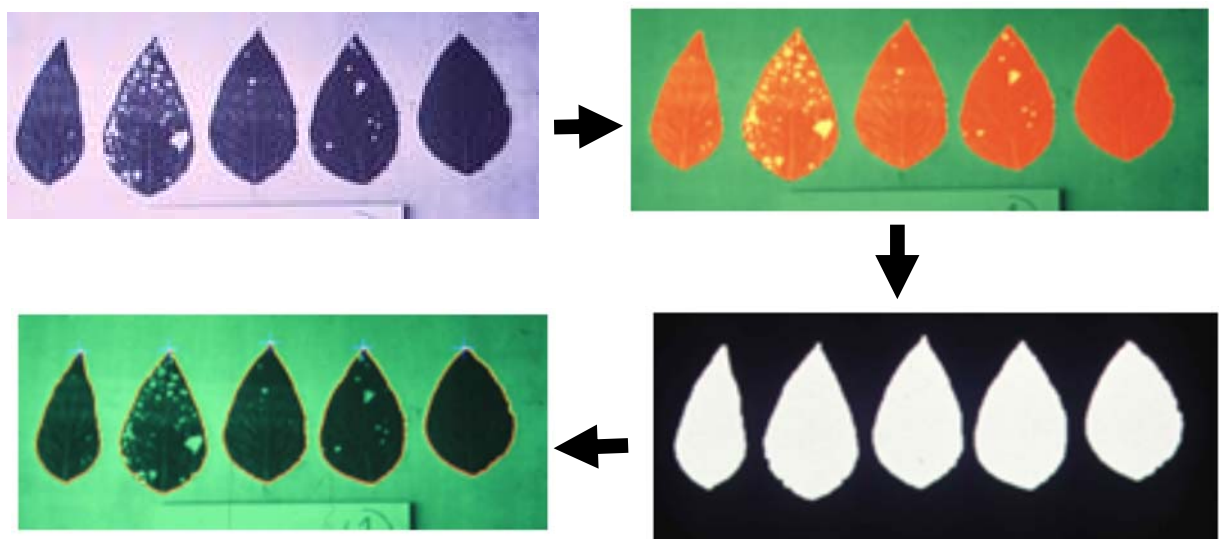
$(\text{周囲長})^2 \div \text{面積}$



## 楕円フーリエ法による輪郭形状評価

71

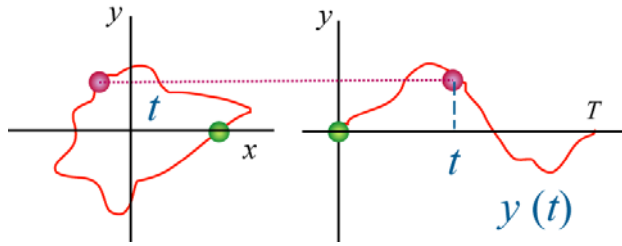
## 単純な画像解析による輪郭の抽出



72



# 楕円フーリエ記述子で輪郭を表現



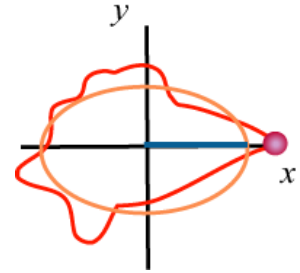
フーリエ級数

展開

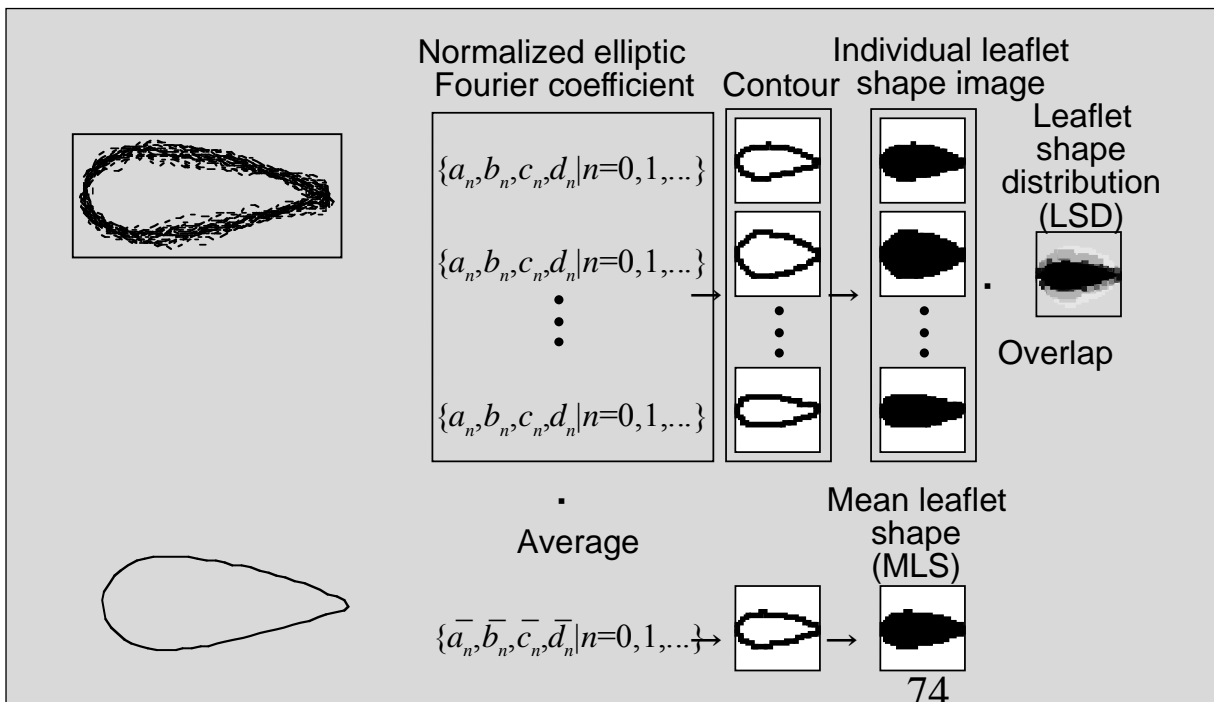
$$x(t) = \sum_N (a_n \cos 2n\pi t/T + b_n \sin 2n\pi t/T)$$

$$y(t) = \sum_N (c_n \cos 2n\pi t/T + d_n \sin 2n\pi t/T)$$

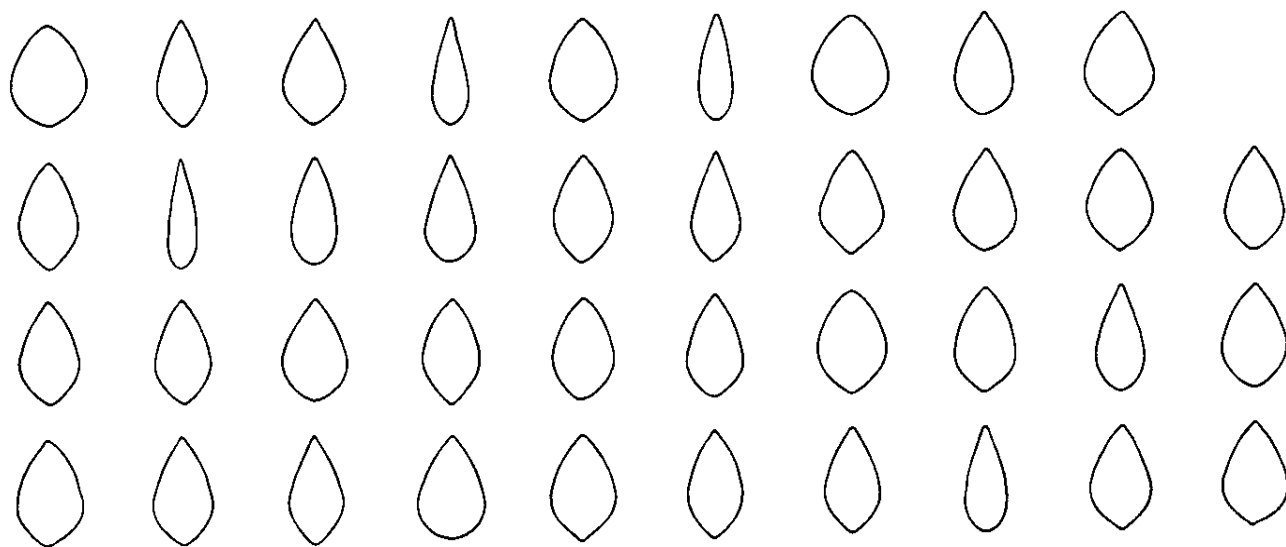
- フーリエ係数が形状係数となる
- 係数の標準化
  - 大きさ不変
  - 回転不変
  - 基準点不変
- 多数のフーリエ係数を主成分分析で縮約



## 標準化により形状の平均値やばらつきの比較が可能

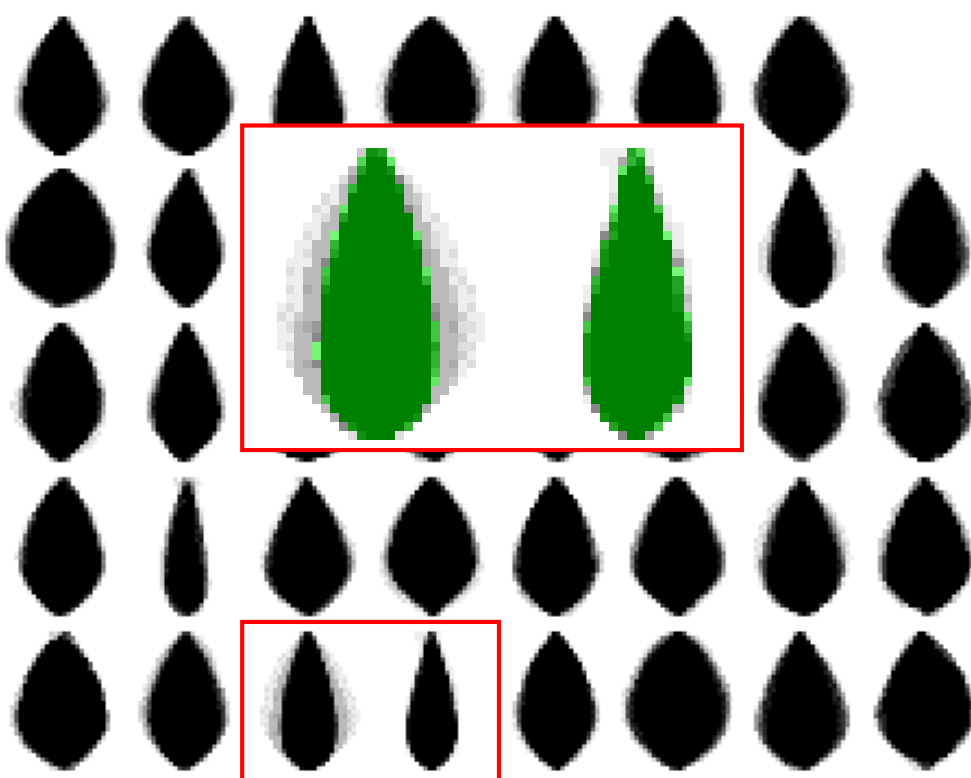


## ダイズ49系統の葉の平均形状の例

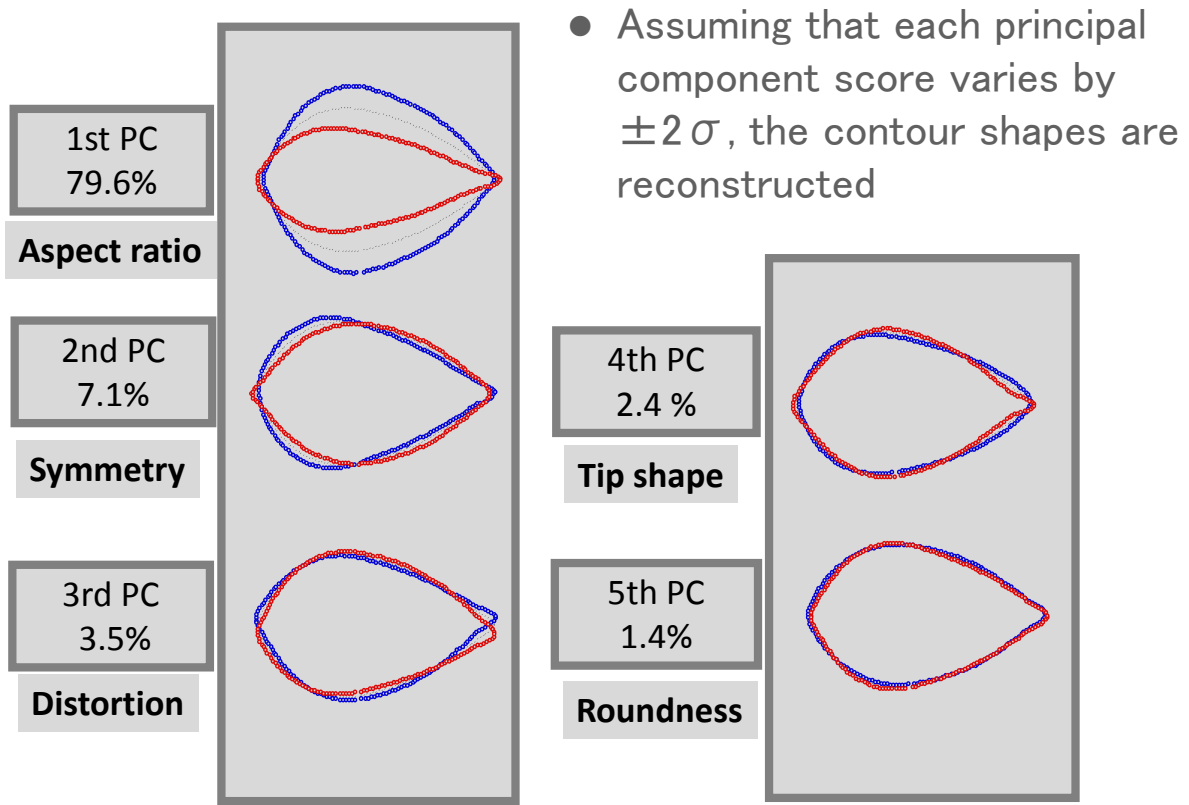


Breed. Sci. 45:315-320,1

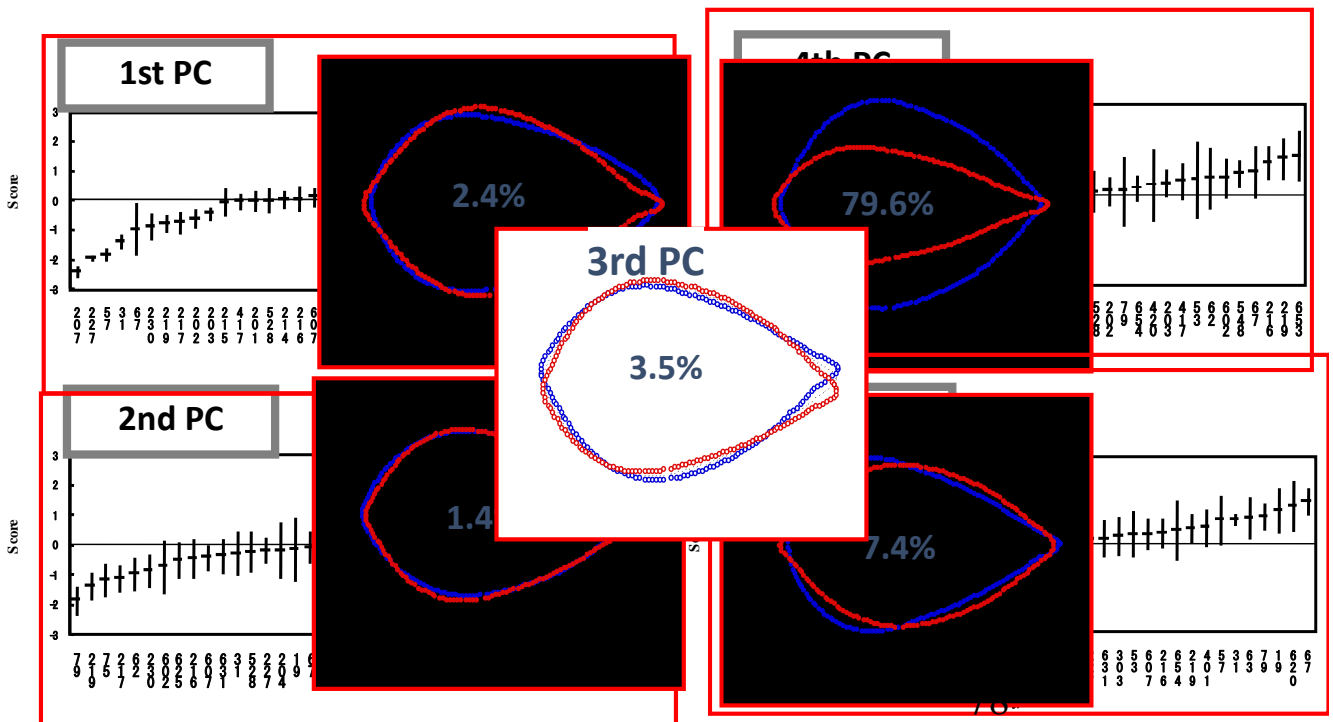
## 系統内変異の程度の比較



# ダイズ葉形への各主成分の効果の例



# 系統間で各主成分スコアを比較

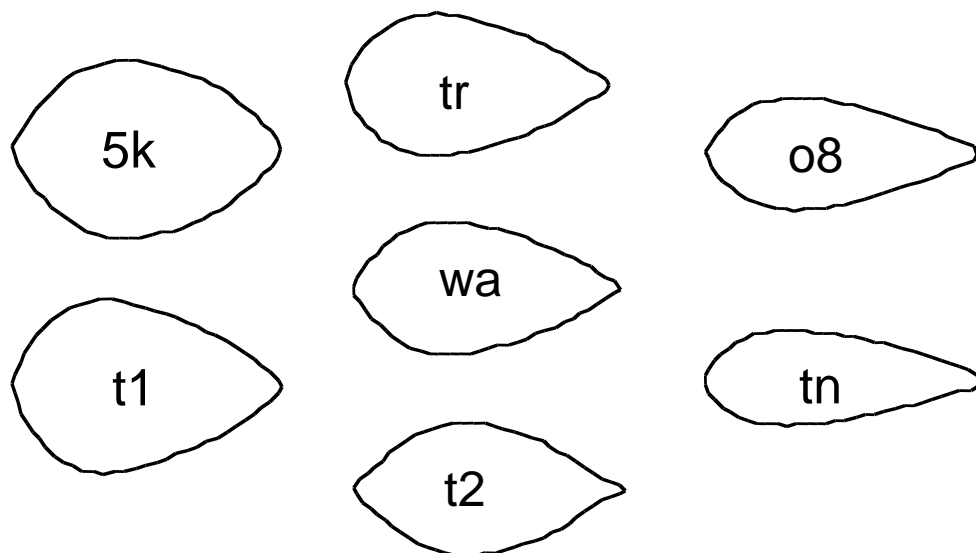


## ダイズ葉形の遺伝解析

79

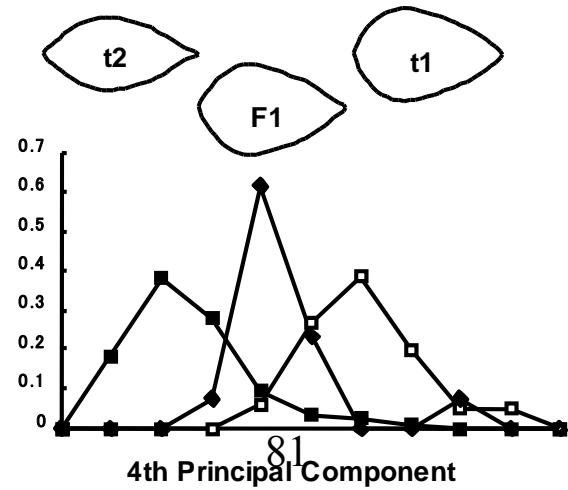
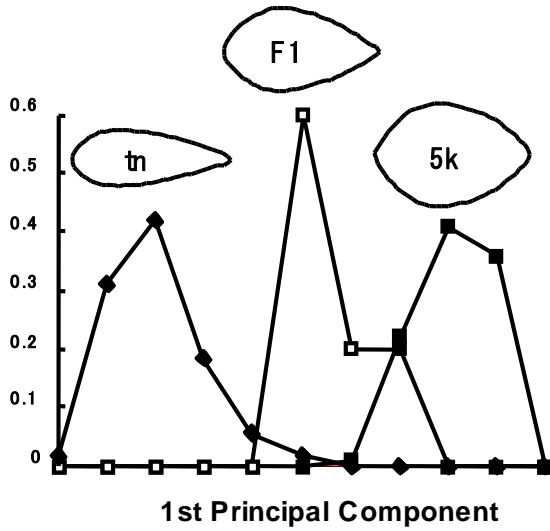
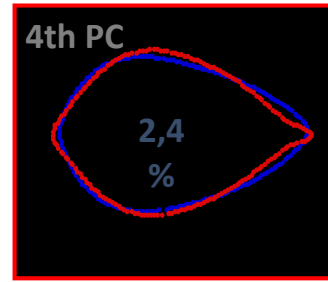
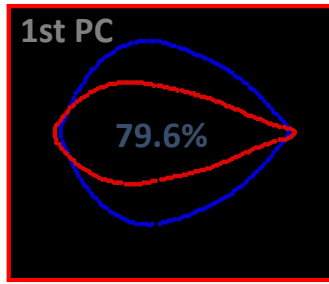
### ダイズ7系統をダイアレルクロス

- Diallel analysis of 7 soybean lines

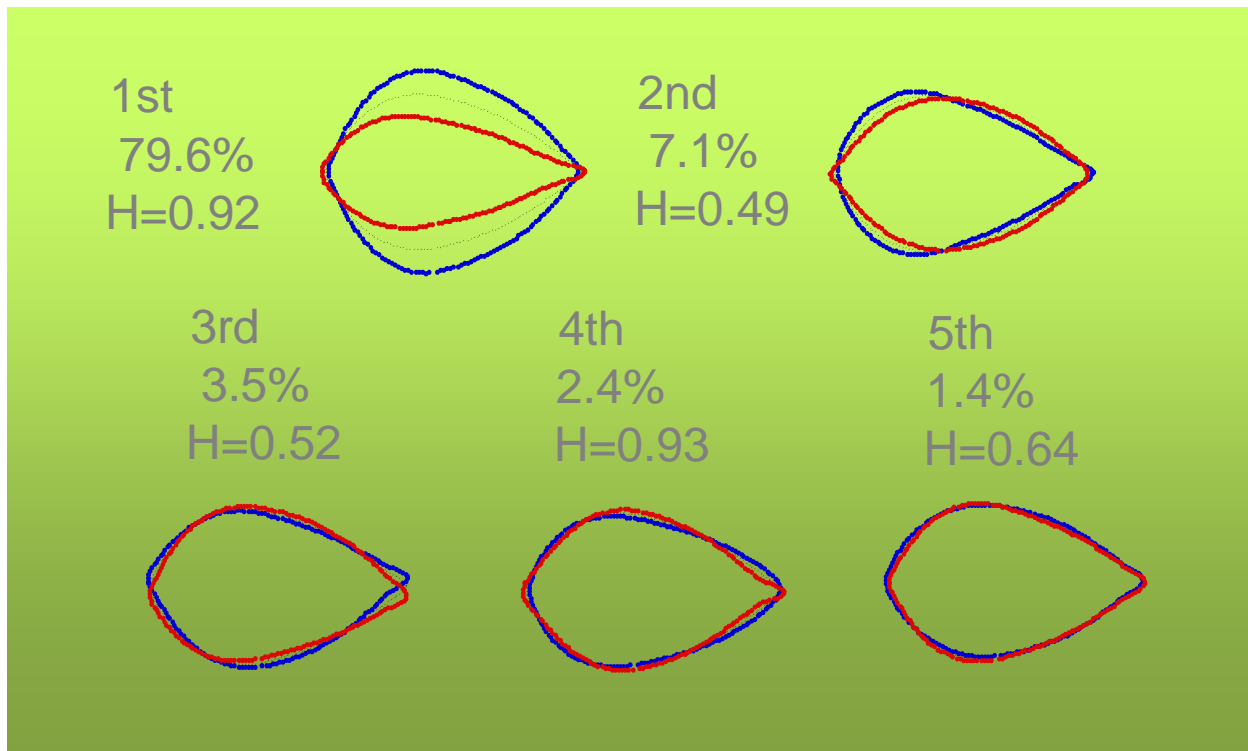


80

# 主成分スコアの分布例



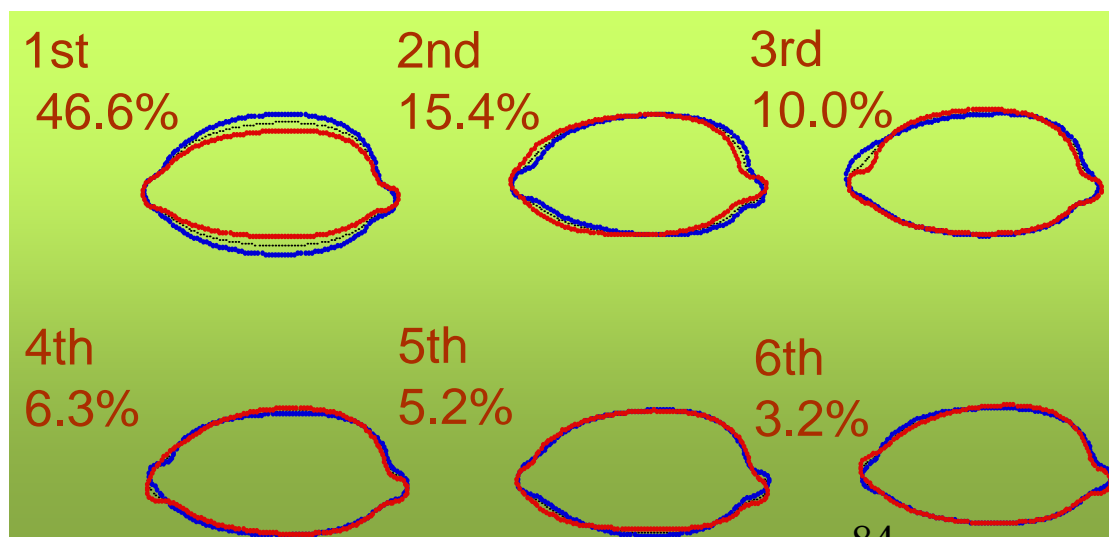
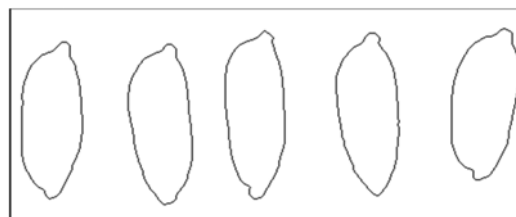
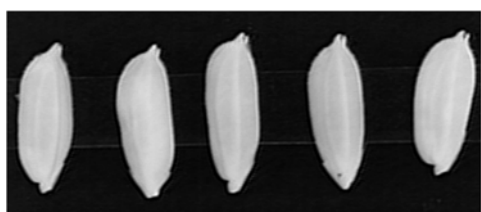
# 推定された遺伝率



# 水稻種子形状の遺伝

83

## 形状遺伝子の同定



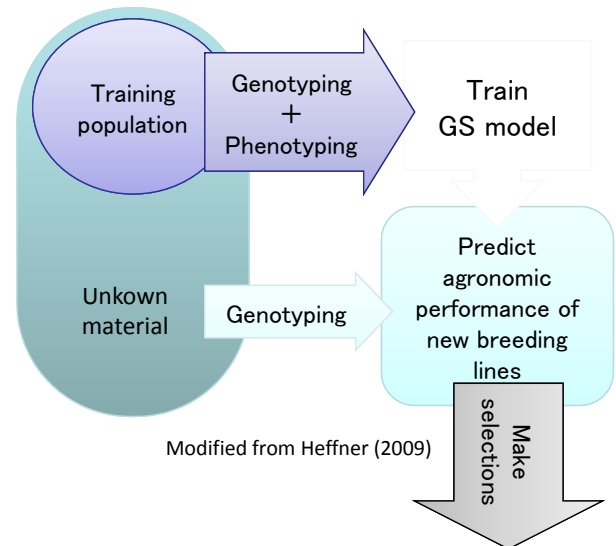
84



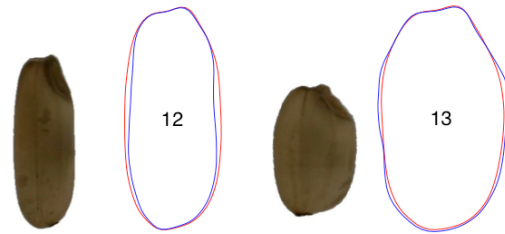
# ゲノミックセレクション

- *Genomic Selection (GS)* is a form of marker assisted selection (MAS) that uses a large number of markers covering the whole genome to predict agronomic performance of unknown lines *even without observing their phenotypes*

- Advantages
- GS is not affected by environment
  - GS can save time, space, and also money...
  - GS can utilize existing databases effectively
  - GS can make selection during the process of generation acceleration



Modified from Heffner (2009)



87  
GS prediction of rice grain shape

## 水稻白未熟粒の定量的評価



## 水稻白未熟粒の定量的評価

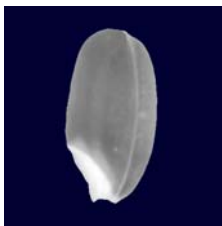
- **Degradation of grain quality is a serious problem and**
  - Abnormal morphology (Cracked rice, Notched rice, Twisted rice, etc)
  - Abnormal coloration (Green rice, Rusty rice, **Chalky rice**)

- **Chalkiness**

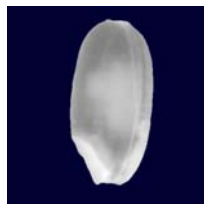
- Physiological disorder
- Irregular light reflection

- **Environmental factor affecting chalkiness**

- High temperature during ripening period



Perfect rice



White-core



Milky-white

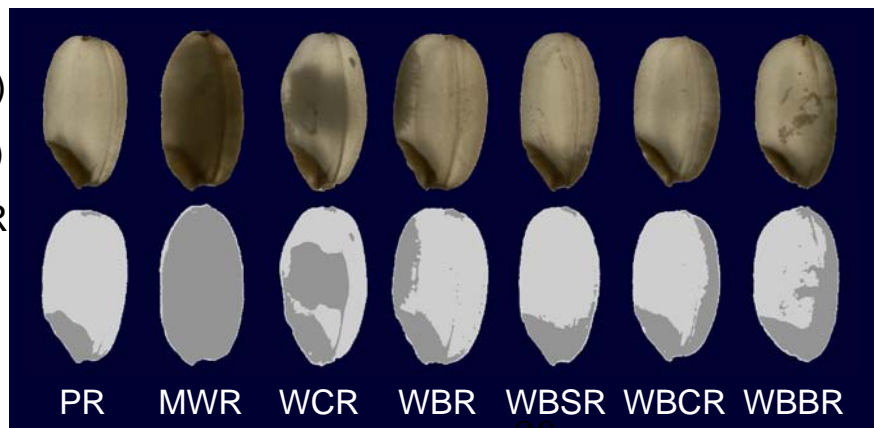


White-back

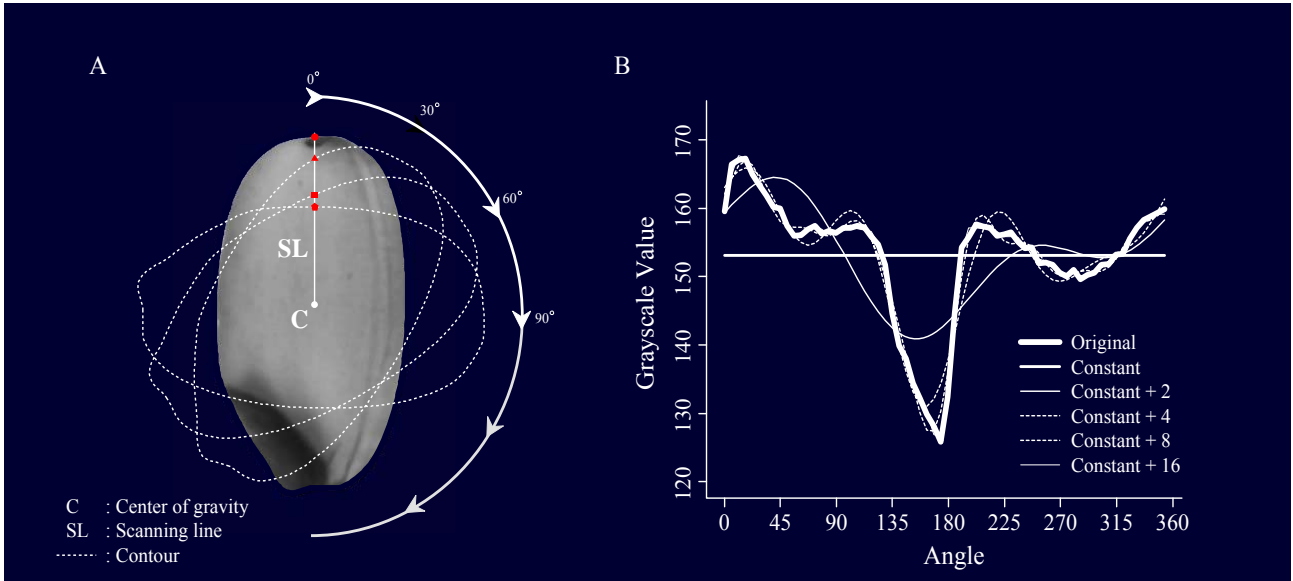
## 水稻白未熟粒の定量的評価

- Categories for chalky rice

- perfect rice (PR)
- white-based rice (WBSR)
- white-back rice (WBCR),
- white-back and based rice (WBBR)
- white-belly rice (WBR)
- white-core rice (WCR)
- milky-white rice (MWR)

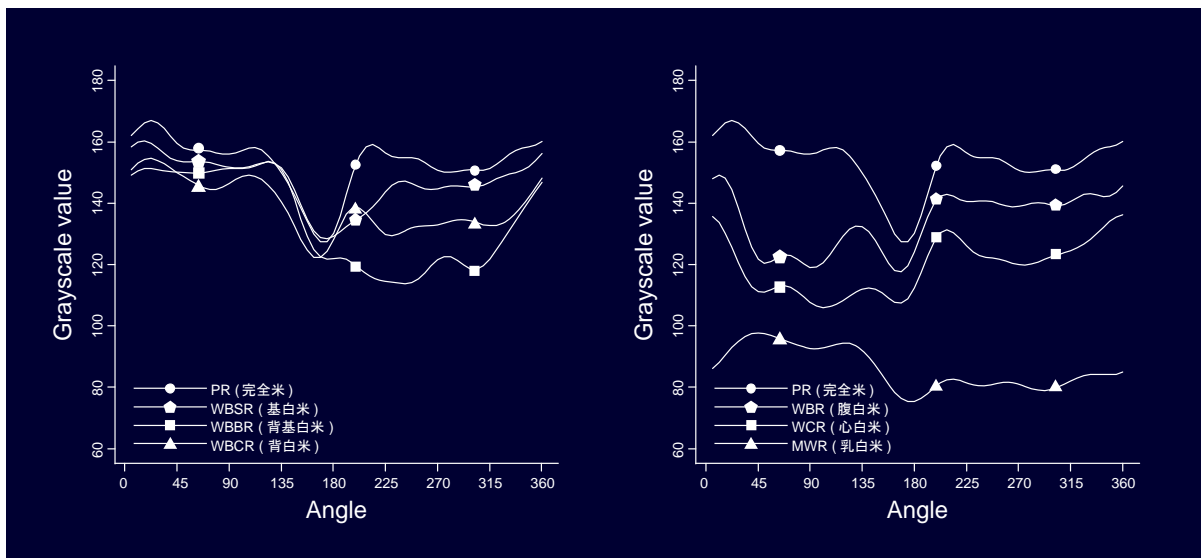


# 重心からの放射状走査による輝度の測定



91

## 未熟程度により輝度パターンが異なる



Crop Sci. 47:2113-2120, 2007

Fig. 3. Reconstructed chalky-curves for perfect and six immature rice grains in Figure 1 made from first 9 Fourier coefficients including one constant: perfect rice (PR), white-based rice (WBSR), white-back rice (WBCR), white-back and based rice (WBBR), white-belly rice (WBR), white-core rice (WCR), and milky-white rice (MWR).

## 輝度パタンの判別分析(SVM)

- Accuracy for 7 class discrimination was 87.5% under one-leave out cross validation

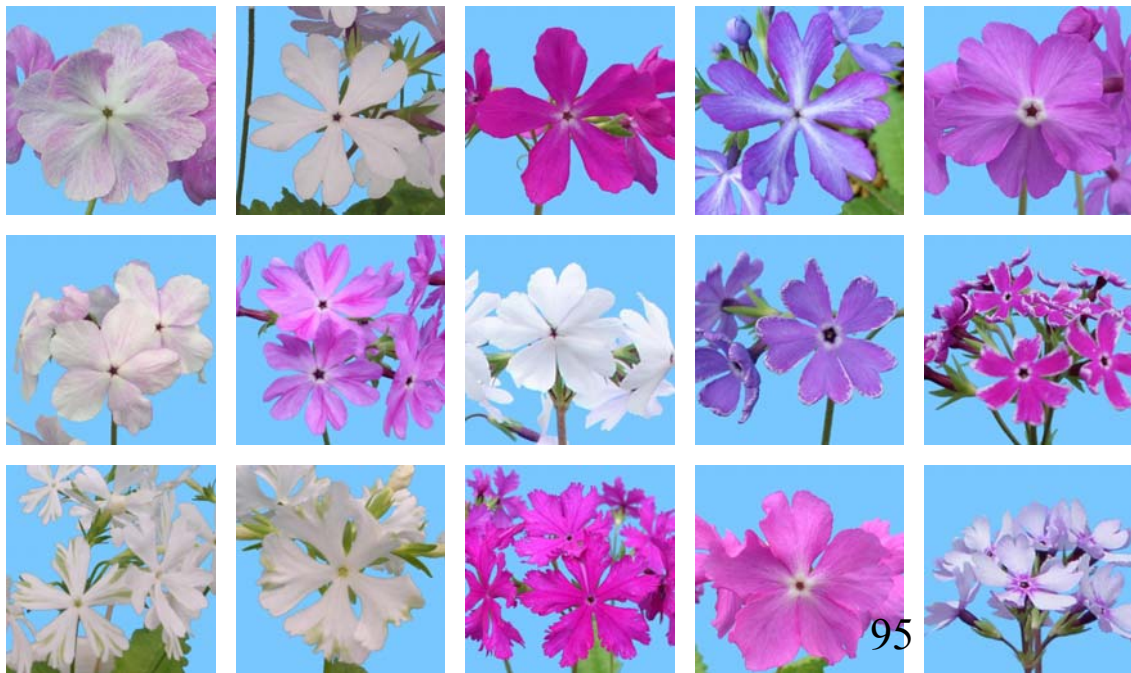
Actual	Prediction							ACR
	PF	WBSR	WBCR	WBBR	WBR	WCR	MWR	
PF	162	4	1	0	0	1	0	96.43
WBSR	7	34	0	0	1	0	0	80.95
WBCR	4	3	20	1	0	0	0	71.43
WBBR	4	4	1	5	0	0	0	35.71
WBR	3	0	0	0	25	0	0	89.29
WCR	2	0	0	0	6	20	0	71.43
MWR	0	0	0	0	0	0	28	100

サクラソウ花卉形状に見る育種の効果

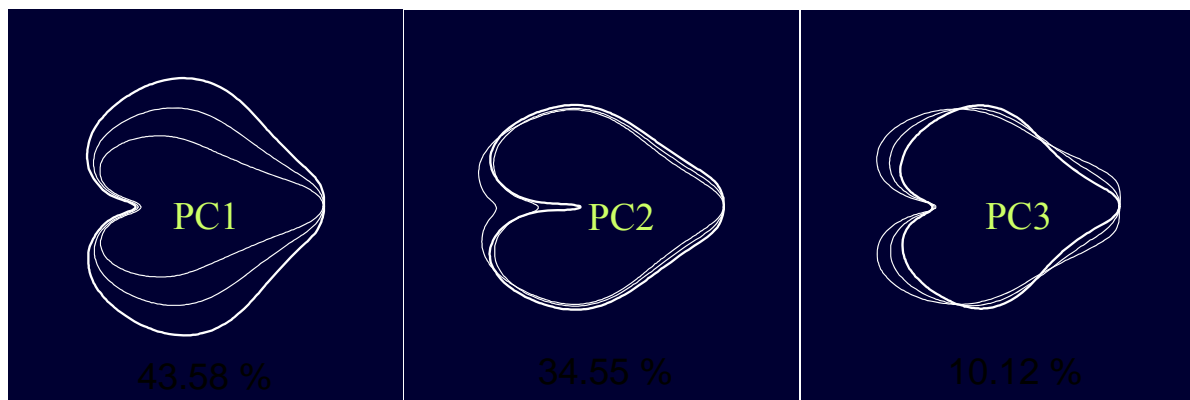


*Primula sieboldii* cultivars were bred from wild types in last 300 years

- Transition of petal shape from wild type to cultivars was analyzed



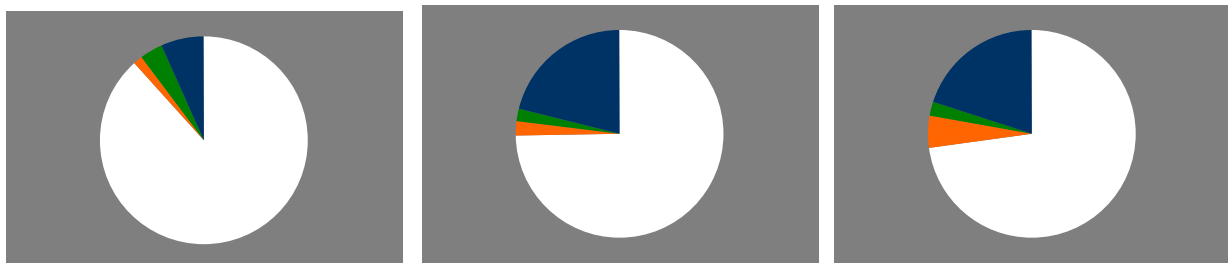
## サクラソウ花卉の楕円フーリエ解析



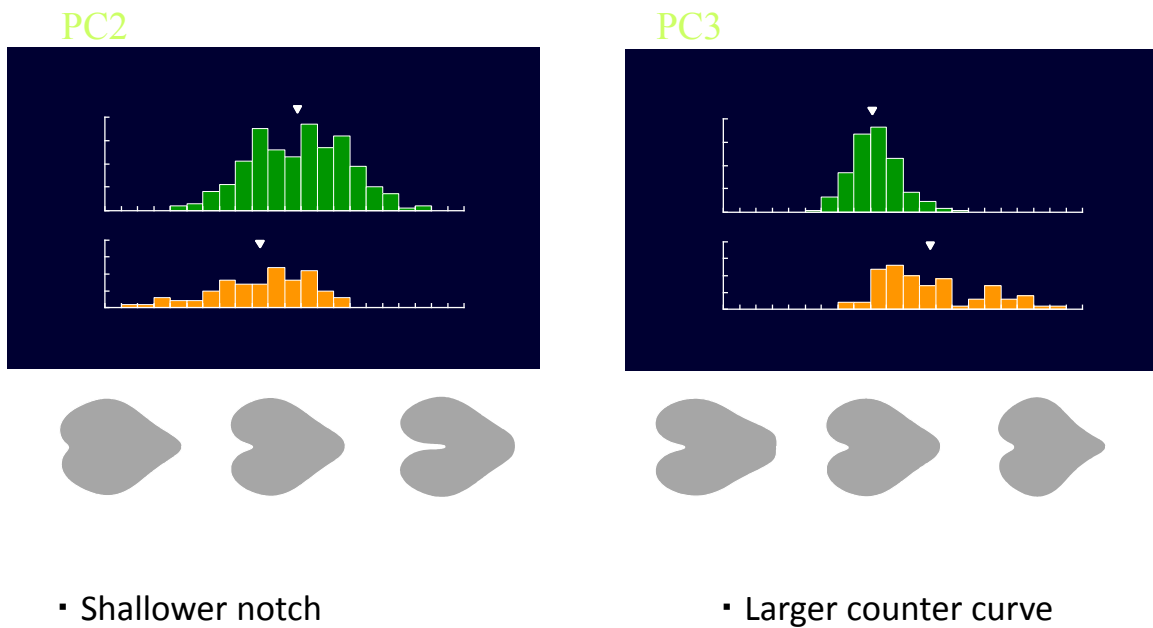
Components of shape variance

Genotype      Among plants      Among petals within plant      Errors

□      ■      ■      ■



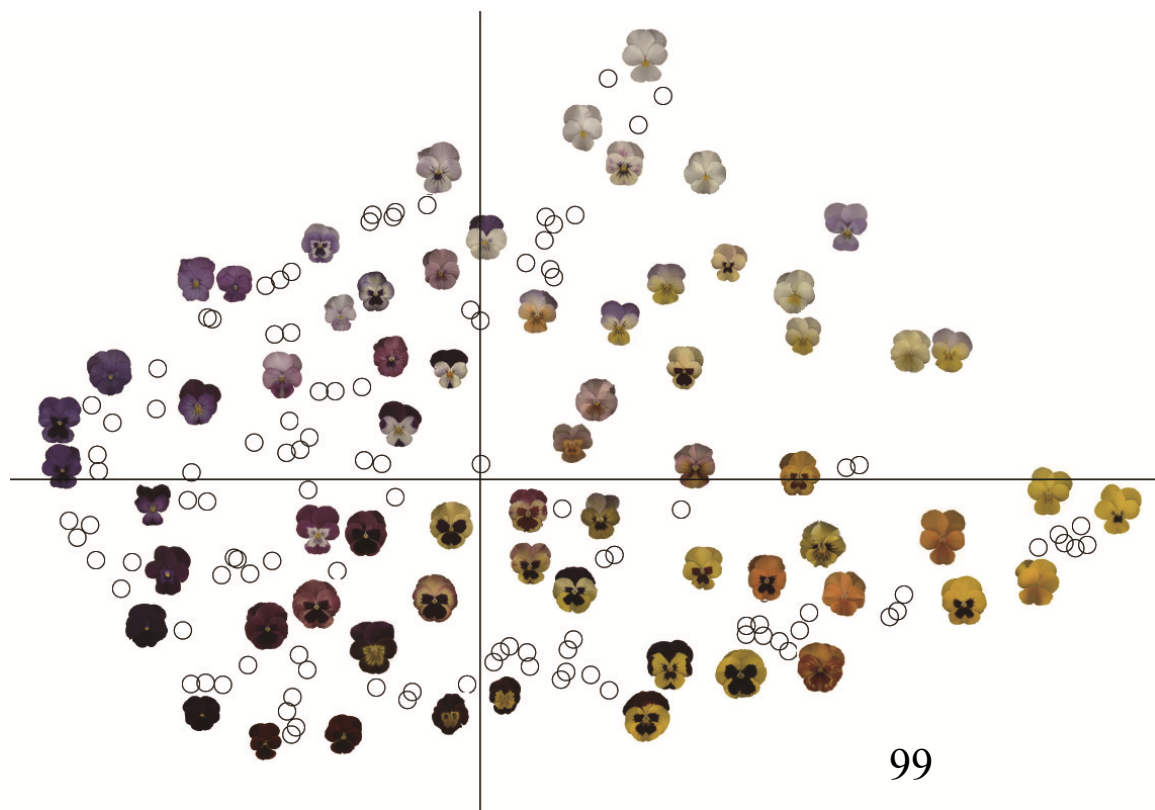
# 人為選抜による形状の変化



Heredity 94: 657-663, 2005

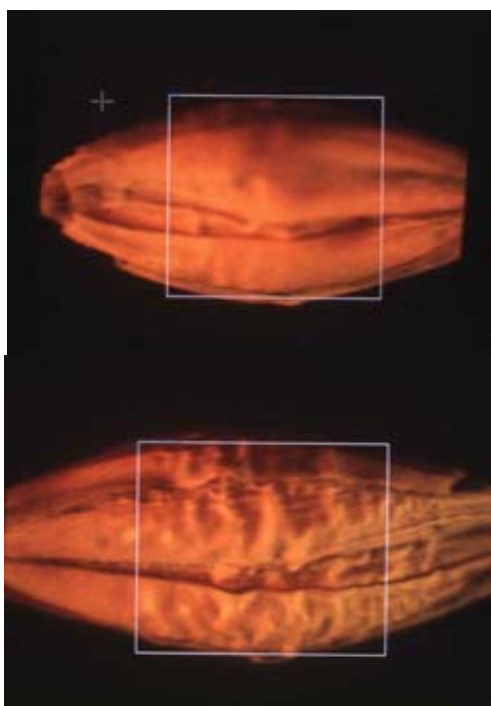
花の模様やしわなどの評価

# カラーシグネチャと類似性行列による模様の評価



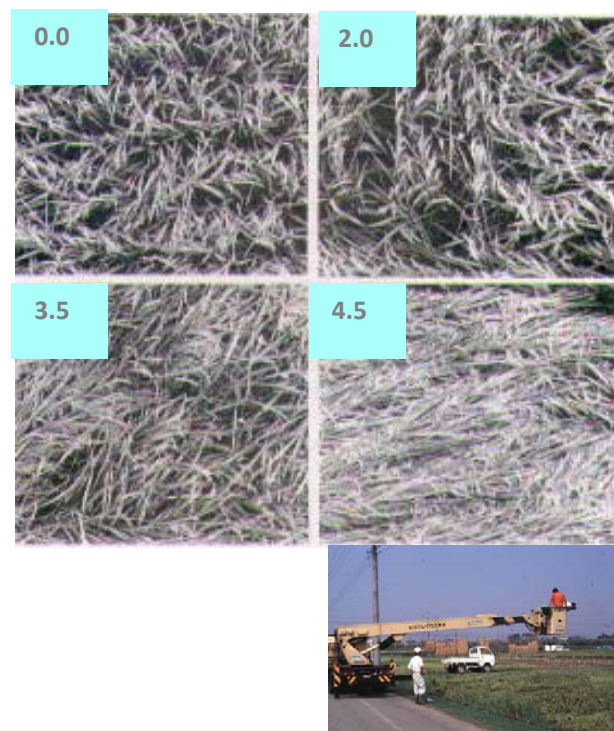
## テクスチャー解析

### 2条大麦縮緬皺の評価



Euphytica 64.:113-121, 1992

### 水稻倒伏程度の評価



J. Agric. Biol. & Environ.Stat. 7:389-402, 2002