

深層学習 (YOLOv3-tiny) を用いた小型無人機による大規模地震発生時の初期火災位置自動送信システムの開発

高田 伸哉 (TAKADA, Shinya) 指導：太田 俊二

1 緒言

首都直下地震は、今後30年以内に発生する確率が70%と推定されており、いつ首都直下地震が発生してもおかしくない状況にある。首都直下地震のような人口密集地で発生する巨大地震に際しては、阪神・淡路大震災や関東大震災の教訓を活かした防災対策を推進する必要がある。

阪神・淡路大震災において、地震の犠牲者死因の大半は、建物の崩壊に起因するものである。建物全壊率と出火率の間には極めて高い正の相関がある。ゆえに、大地震発生時から初期の1時間程度以内に発生する火災（以下「初期火災」という。）の分布が、大地震発生後の救出活動に直結する非常に重要な情報源となる。

ところが、現状の防災システムは人的資源に依存しており、発災直後1時間という混乱期に発生する初期火災を広範に全て収集することができず、初期火災が見落とされる可能性がある。よって、初期火災位置の情報収集システムの自動化を推進する必要がある。

本研究ではまず、大規模地震発生時の初期火災位置を自動的に収集するため、深層学習を利用したアルゴリズムを搭載したドローンにより火災を検出した。次に、火災位置情報を自動送信し、位置情報を表示するシステムの開発を行った。

2 方法

火災検出アルゴリズムの開発は、YOLOv3-tinyを採用し、計5779枚のデータセットを用いて学習を行った。位置情報の自動送信アルゴリズムは、YOLOの処理コード本体に挿入し、火災を検出すると、GPSロケーションを取得し、位置情報を自動送信するようコード改変を行った。

火災検出から位置情報自動送信までの処理をドローンに搭載可能な小型PCに実装し、火災検出用のカメラ、通信距離延長のためのWi-Fiアンテナ、GPSアンテナを取り付け、モバイルバッテリーで独立駆動するシステム（以下「初期火災位置自動送信システム」という。）を作成した。

2020年12月10日、早稲田大学西早稲田キャンパスから早稲田キャンパスの間で初期火災位置自動送信システムを車両に搭載し、走行する実験を行った。模擬火災信号としてドローンから撮影した空撮火災動画を使用し、これによりドローンの空撮と移動を模擬し、移動体からの火災検出と位置情報自動送信機能の検証を行った（図1）。

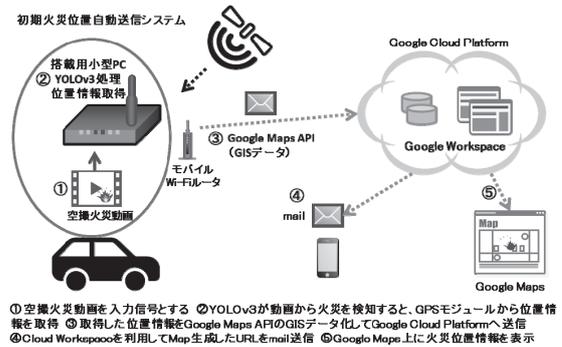


図1 実験方法

3 結果及び考察

アルゴリズム	検出件数	発報件数	誤検出	フレームレート
YOLOv3-tiny	2194	367	0	1~8FPS

図2 検出結果

深層学習により動画中の画像から火災を認識し、ドローンからの空撮火災動画において、ほぼ全てのフレームで火災を検出し、誤検出は認められなかった（図2）。ただし、位置情報の自動送信アルゴリズムを直列コードで処理したため、処理速度の低下につながった。

走行経路と完全一致する形で火災位置が記録され、自動位置情報送信処理が正確に作動していることが確認できた。

4 結言

大規模地震発生直後1時間以内という混乱期に発生する初期火災位置を自動的に収集するため、深層学習を利用した火災検出アルゴリズムを実装した初期火災位置自動送信システムを開発した。本システムにより、大規模地震発生時の初期火災の発見、位置情報の送信、地図情報システムへ表示プロセスの無人化を実証した。

大規模地震への備えとして、現状の人的資源に依存する防災システムに代わり、本システムが無人化推進への基本技術となったといえる。

祖先再構成型リボソームタンパク質を用いた原始タンパク質の アミノ酸組成の探索

Exploring the amino acid usages in primitive proteins using reconstructed ancestral ribosomal proteins

趙 方正 (ZHAO, Fangzheng) 指導：赤沼 哲史

Solving the mystery of the origin of life has been a topic of human sciences. The basic elements of life are the molecules that hold genetic information, the functional molecules supporting biological activities, and the membrane that separates inside and outside of the cell. In modern life, nucleic acids hold genetic information and proteins are responsible for functions. The self-replication of nucleic acids is catalyzed by proteins, while the synthesis of proteins is based on the sequence of nucleic acids. Therefore, whether nucleic acids or proteins were born first at the origin of life has become an important mystery. In the 1980s, it was discovered that some RNA molecules can work both as information molecules and as functional molecules. The findings led to the conjecture that primitive RNA molecules possessed genetic information and carried out functions. This idea, known as the RNA world hypothesis, has gradually gained acceptance because increasing evidence have been found later.

Elucidation of the origin and early evolution of proteins are important for connecting the RNA world and modern biology. The number of amino acid types that were used for early protein synthesis should have been significantly less than that for modern protein synthesis because organic compounds were not plausibly abundant in early Earth's environment. This idea stems from the results of amino acid synthesis experiments simulating early Earth environments and the analysis of amino acid types contained in ancient meteorites. Modern organisms use amino acids, the building blocks of proteins, that are incorporated from the environment or synthesized through intracellular metabolic pathways. However, it is reasonably predictable that the intracellular amino acid synthetic pathways were unavailable at the

beginning. Therefore, the earliest proteins presumably consisted of a reduced set of the current 20 amino acids.

RNA binding is predicted to be an initial function of proteins born in the RNA world. In this study, I explored the minimum amino acid set required to constitute an RNA-binding protein in order to unravel the amino acid composition of a primitive RNA binding protein that might emerged in the RNA world.

I focused on the ribosomal protein S8 that directly binds to and stabilize the small-subunit ribosomal RNA. Initially, a phylogenetic tree was built by comparing the amino acid sequences of modern microbial S8s. Based on the phylogenetic tree, two ancestral S8 sequences of the last bacterial common ancestor were inferred. Synthesis and characterization of the two ancestral S8 proteins showed that they are highly thermally stable and specifically bind to a ribosomal RNA fragment. Both ancestral sequences do not contain histidine and therefore consist of 19 amino acid types. Using one of the ancestral proteins as the initial scaffold, we reconstructed 19 simplified variants, each of which consisted of 18 amino acid types. Consequently, eight simplified S8 variants retained the RNA binding activity, while other six variants could not bind to the RNA fragment. The remaining five variants were insoluble or could not be expressed. Further, I reconstructed a simplified variant consisting of 15 amino acid types, which still bound to the RNA fragment. The results clearly indicate that the full set of the 20 amino acids is not necessarily essential for RNA binding and supports the hypothesis that RNA-binding proteins in the early stage of evolution were made from a reduced amino acid set.

人工林内の異なる下層植生群落における クモ群集の特徴

The characteristic of spider assemblage among different understory communities in conifer plantation

嶋山 和也 (HATAKEYAMA, Kazuya) 指導：平塚 基志

1. はじめに

森林における生物多様性は、植生がもたらすハビタット構造により支えられている。空間内の物体の物理的配置に敏感なクモの生息状況は、ハビタット構造がもたらす生物多様性の指標として適していると考えられる。そこで本研究では「人工林内の異なる下層植生群落間でクモの群集構造が異なる」(仮説1) および「人工林におけるクモの群集構造が下層植生の影響を受けているならば、クモの群集構造は植生の種構成や密度に影響を与える人為影響や地形から間接的な影響を受けている」(仮説2) という2つの仮説を立てた。仮説を解明するために「下層植生の優占度をもとに複数の下層植生群落を定義し、下層植生群落間でクモの群集構造を比較すること」および「人為影響および地形が下層植生の密度、優占度および被度を介してクモの群集構造に与える影響を検証すること」を本研究の目的とした。また本研究の結果を踏まえ、ハビタット構造を維持しながら生物多様性の向上を考慮した人工林の管理方法について提言することを目指した。

2. 調査対象地

間伐履歴が記録され下層植生の群落がパッチ状に形成されていることから、日本の典型的な人工林であるとして、埼玉県飯能市の荻生地区市有林を調査対象地に選定した。

3. サンプリング方法および分析方法

地形や下層植生の分布を反映して調査実施ポイントを選定するために層化抽出法を適用した。選定された52地点において、植生調査およびクモのサンプリングを行った。植生調査では低木密度および下層植生の優占度を記録した。ピーティングにより低木層から、見つけどりにより草本層からクモをサンプリングした。下層植生群落を定義するためにクラスター分析を用いた。植生を介する間接効果を検証するために構造方程式モデルを用いた。

4. 調査結果

低木層と草本層からサンプリングされたクモをもとに目録を作成した結果、低木層および草本層の両方において生息が可能である傾向が示された。下層植生群落間でクモの群集構造を比較した結果、低木群落における低木層のクモ

の個体数は、他の下層植生群落に比べ有意に多いことが示された ($P < 0.05$) (Fig. 1)。

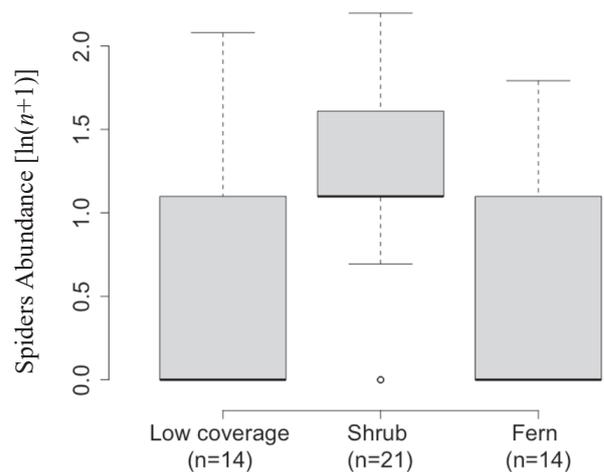


Fig. 1 下層植生群落間における低木層のクモの個体数

人為影響および地形が植生を介してクモの群集構造に与える影響を検証した結果、低木層のクモの個体数、ギルド数および複数のギルドの個体数に対する、低木密度を介した間接効果の有意性が示された ($P < 0.05$)。また人為影響および地形が低木層のクモに与える直接効果に有意性は示されなかった ($P > 0.05$)。

5. 考察

低木層と草本層からサンプリングされたクモの傾向および下層植生群落間におけるクモの群集構造を比較した結果から、仮説1は支持された。人為影響および地形が下層植生の密度、優占度および被度を介してクモの群集構造に与える影響を検証した結果から、仮説2は支持された。低木層を維持するために「地形を考慮した低木の保全」および「人工林として管理の継続が可能な林分と管理の継続が困難な林分のゾーニング」が重要であると考えられた。森林・林業基本計画および市町村森林整備計画において、これらの取り組みと同様の管理方針が推進されている。以上より本研究の結果は、森林・林業基本計画および市町村森林整備計画の実装を、生物多様性保全の観点から補強する材料となる可能性がある。