論 文 Regular article 日本食品化学学会誌、Vol. 30(3), 128-133(2023) Japanese Journal of Food Chemistry and Safety (JJFCS)

ディープラーニング等高線 HPLC 法を用いた

食用きのこ識別に関する研究

(2023年1月30日受付) (2023年8月6日受理)

北尾修平、森山祐羽、高山卓大、井之上浩一

立命館大学薬学部

Study of the evaluation of mushroom samples using deep learning contour HPLC method (Received January 30, 2023)

(Accepted August 6, 2023)

Shuhei Kitao, Yu Moriyama, Takahiro Takayama, Koichi Inoue

College of Pharmaceutical Sciences, Ritsumeikan University

Abstract

For the identification of various mushrooms regarding to food, it has been used to evaluate these morphologic and/or genetic decisions by these researchers and experts. However, these judgments require expertness and know-how on uncertainty approach as human error. In this study, we developed the deep learning contour HPLC method for the high-probability decision of various mushroom samples based on convolutional neural network (CNN). HPLC condition is TSKgel ODS-100V with 0.1% formic acid in water/acetonitrile at 1.0 mL/min and detectable 190-500 nm for contour chromatograms. The sample preparation was used of extraction with methanol. Contour chromatograms of extracted mushroom based on this HPLC measurement were transformed to NumPy form and replicated by 2D-image for CNN by Python. This result showed that accuracy is 94.9% (n=117, 13 kinds). Thus, it is useful that this novel approach with contour HPLC and CNN indicates the establishment of various natural components based on deep learning.

Keywords:ディープラーニング、畳み込みニューラルネットワーク、パイソン、等高線 HPLC 法、きのこ識別 deep learning, convolutional neural network, Python, contour HPLC method, establishing mushroom

I 緒言

一般的に、野生きのこ(Mushroom、菌類)の識別は、 専門家による形態学的判断や遺伝子検査が主である。例 えば、平成30年の毒きのこ(ニセクロハツ、偽黒初、 *Russula subnigricans* H.)の事例では、当該きのこの形態 学的類似性、食中毒症状、遺伝子検査により種の同定が 行われている¹⁾。これまで、厚生労働省、農林水産省、 地方衛生研究所などは、毒きのこによる食中毒を注意喚 起するため、写真や特徴、食中毒事例を公表して啓発を 進めている。また、きのこ鑑定の相談所なども開設し、 消費者へのリスクコミュニケーションを推進している自 治体もあるが、近年では専門家の高齢化や減少により、 野生きのこの形態学的判別ができる環境の維持が困難に なっている。 きのこの識別判定方法は、理化学的ターゲット分析と して、遺伝子検査が整備されてきた²⁾。本手法は、対象 のきのこを想定して(例えば、毒きのこ類似性:ニガク リタケとクリタケなど)、それに合わせたプライマー及 びプローブを選別して、リアルタイム PCR を利用するも のである³⁾。つまり、検出を予想するプライマー及びプ ローブが必要であるうえ、検査の煩雑性や汎用性に未だ 問題を抱えている。他に理化学的分析法としては、きの こ成分を直接測定する方法もある。例えば、ツキヨタケ の食中毒成分として、イルジンSを対象とした分析法に 関する報告がある⁴⁾。これらは、毒性成分の標準品を供 給できるシステムについて、継続的に構築しなければな らず、その単離精製に問題を抱える^{5,6)}。その例として、 石田らのドクササコのアクロメリン酸A、B及びクリチ ジンを各種カラムクロマトグラフィーで単離精製する方

連絡先:〒 525-8577 滋賀県草津市野路東 1-1-1 立命館大学薬学部 井之上浩一 Corresponding author: Koichi Inoue, College of Pharmaceutical Sciences, Ritsumeikan University, 1-1-1 Nojihigashi, Kusatsu, Shiga 525-8577, Japan