



(19) 대한민국특허청(KR)

(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2025년06월20일

(11) 등록번호 10-2823262

(24) 등록일자 2025년06월17일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)

G01N 21/85 (2006.01) G01J 3/28 (2006.01)

G01N 21/17 (2006.01) G01N 21/25 (2006.01)

G01N 21/84 (2006.01) G01N 21/88 (2006.01)

G01N 33/02 (2006.01)

(52) CPC특허분류

G01N 21/85 (2013.01)

G01J 3/2823 (2013.01)

(21) 출원번호 10-2024-0136661

(22) 출원일자 2024년10월08일

심사청구일자 2024년10월08일

(56) 선행기술조사문헌

JP2024530389 A\*

(뒷면에 계속)

전체 청구항 수 : 총 14 항

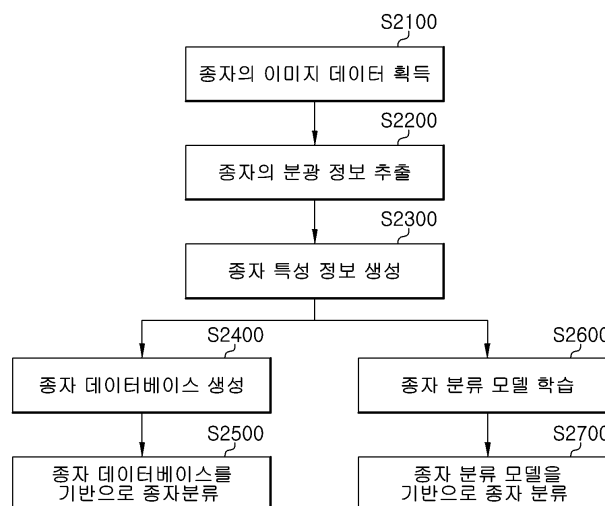
심사관 : 장일석

(54) 발명의 명칭 종자 초분광 특성 기반의 종자 형질 분석 방법 및 장치

## (57) 요약

본 발명은 종자 형질 분석 기술에 관한 것으로서, 구체적으로 종자의 형상 특성 및 초분광 특성을 기반으로 종자를 분류하는 기술에 관한 것이다. 본 발명의 일 측면에 따르면, 종자 형질 분석 방법은, 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계; 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 적어도 하나의 이미지 데이터에 포함된 종자의 초분광 정보를 추출하는 단계; 및 초분광 정보를 기반으로 적어도 하나의 이미지에 포함된 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 단계;를 포함할 수 있다.

## 대표도 - 도2



(52) CPC특허분류

**G01N 21/25** (2013.01)

**G01N 21/8851** (2013.01)

**G01N 33/02** (2013.01)

**G01N 2021/1765** (2013.01)

**G01N 2021/8466** (2013.01)

**G01N 2021/8883** (2013.01)

**G01N 2021/8887** (2013.01)

(56) 선행기술조사문헌

US20190281781 A1\*

US202240230404 A1

KR101738311 B1

CN114882249 A

\*는 심사관에 의하여 인용된 문헌

이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호 1395076646

과제번호 00223126

부처명 농촌진흥청

과제관리(전문)기관명 농촌진흥청

연구사업명 공공성확보를위한국가기반육종플랫폼개발

연구과제명 초분광 정보 자동화 분석 기술 개발

과제수행기관명 충남대학교

연구기간 2023.04.01 ~ 2024.12.31

## 명세서

### 청구범위

#### 청구항 1

복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계;

상기 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 상기 적어도 하나의 이미지 데이터에 포함된 종자의 초분광 정보를 추출하는 단계; 및

상기 초분광 정보를 기반으로 상기 적어도 하나의 이미지에 포함된 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 단계;를 포함하고,

상기 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계는,

상기 복수의 종자 각각에 대한 초분광 영상(HyperSpectral Image, HSI)을 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로 수집하고,

상기 초분광 정보를 추출하는 단계는,

상기 초분광 영상으로부터 하이퍼큐브(Hypercube)를 생성하고, 상기 하이퍼큐브에 대한 스펙트럼 언믹싱(spectral unmixing)을 수행하여 엔드 멤버(endmember) 및 점유도(abundance map)를 생성하여, 상기 초분광 정보를 추출하고,

상기 종자 특성 정보를 생성하는 단계는,

상기 엔드 멤버 및 점유도를 기반으로 상기 초분광 영상에서 종자 영역을 추출하고, 상기 종자 영역에 대한 상기 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는,

종자 형질 분석 방법.

#### 청구항 2

삭제

#### 청구항 3

제1항에 있어서,

상기 복수의 종자 각각에 대한 종자 특성 정보를 기반으로 종자의 종류 및 종자 특성 정보를 포함하는 종자 데이터베이스를 생성하는 단계;

를 더 포함하는, 종자 형질 분석 방법.

#### 청구항 4

제3항에 있어서,

상기 종자 데이터베이스를 생성하는 단계는,

생성된 종자 특성 정보를 미리 설정된 종자 특성 정보와 비교하여, 상기 생성된 종자 특성 정보를 검증하고, 상기 생성된 종자 특성 정보 중 유효한 것으로 검증된 종자 특성 정보를 기반으로 상기 종자 데이터베이스를 생성하는,

종자 형질 분석 방법.

## 청구항 5

제1항에 있어서,

상기 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터 및 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 생성된 종자 특성 정보를 기반으로, 타겟 종자의 이미지 데이터로부터 상기 타겟 종자의 종류를 분류하도록 종자 분류 모델을 학습 시키는 단계;

를 더 포함하는, 종자 형질 분석 방법.

## 청구항 6

제5항에 있어서,

상기 타겟 종자의 이미지 데이터를 획득하는 단계; 및

학습된 종자 분류 모델을 이용하여 상기 타겟 종자의 이미지 데이터를 기반으로 상기 타겟 종자의 종류를 분류하는 단계;

를 더 포함하는, 종자 형질 분석 방법.

## 청구항 7

제3항에 있어서,

타겟 종자의 이미지 데이터를 획득하는 단계;

상기 타겟 종자의 이미지 데이터로부터 상기 타겟 종자의 종자 특성 정보를 생성하는 단계; 및

상기 타겟 종자의 종자 특성 정보를 기반으로 상기 종자 데이터베이스를 검색하여 상기 타겟 종자의 종류를 분류하는 단계;

를 더 포함하는, 종자 형질 분석 방법.

## 청구항 8

명령어를 포함하는 메모리; 및

상기 명령어를 실행함으로써, 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계; 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 상기 적어도 하나의 이미지 데이터에 포함된 종자의 초분광 정보를 추출하는 단계; 및 상기 초분광 정보를 기반으로 상기 적어도 하나의 이미지에 포함된 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 단계;를 포함하는, 종자 형질 분석 방법을 수행하는 프로세서;를 포함하고,

상기 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계는,

상기 복수의 종자 각각에 대한 초분광 영상(HyperSpectral Image, HSI)을 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로 수집하고,

상기 초분광 정보를 추출하는 단계는,

상기 초분광 영상으로부터 하이퍼큐브(Hypercube)를 생성하고, 상기 하이퍼큐브에 대한 스펙트럼 언믹싱(spectral unmixing)을 수행하여 엔드 멤버(endmember) 및 점유도(abundance map)을 생성하여, 상기 초분광 정보를 추출하고,

상기 종자 특성 정보를 생성하는 단계는,

상기 엔드 멤버 및 점유도를 기반으로 상기 초분광 영상에서 종자 영역을 추출하고, 상기 종자 영역에 대한 상

기 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는,  
종자 분석 장치.

#### 청구항 9

삭제

#### 청구항 10

제8항에 있어서,

상기 복수의 종자 각각에 대한 종자 특성 정보를 기반으로 종자의 종류 및 종자 특성 정보를 포함하는 종자 데이터베이스를 생성하는 단계;

를 더 포함하는, 종자 분석 장치.

#### 청구항 11

제10항에 있어서,

상기 종자 데이터베이스를 생성하는 단계는,

생성된 종자 특성 정보를 미리 설정된 종자 특성 정보와 비교하여, 상기 생성된 종자 특성 정보를 검증하고, 상기 생성된 종자 특성 정보 중 유효한 것으로 검증된 종자 특성 정보를 기반으로 상기 종자 데이터베이스를 생성하는,

종자 분석 장치.

#### 청구항 12

제8항에 있어서,

상기 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터 및 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 생성된 종자 특성 정보를 기반으로, 타겟 종자의 이미지 데이터로부터 상기 타겟 종자의 종류를 분류하도록 종자 분류 모델을 학습 시키는 단계;

를 더 포함하는, 종자 분석 장치.

#### 청구항 13

제12항에 있어서,

상기 타겟 종자의 이미지 데이터를 획득하는 단계; 및

학습된 종자 분류 모델을 이용하여 상기 타겟 종자의 이미지 데이터를 기반으로 상기 타겟 종자의 종류를 분류하는 단계;

를 더 포함하는, 종자 분석 장치.

#### 청구항 14

제10항에 있어서,

타겟 종자의 이미지 데이터를 획득하는 단계;

상기 타겟 종자의 이미지 데이터로부터 상기 타겟 종자의 종자 특성 정보를 생성하는 단계; 및

상기 타겟 종자의 종자 특성 정보를 기반으로 상기 종자 데이터베이스를 검색하여 상기 타겟 종자의 종류를 분류하는 단계;

를 더 포함하는, 종자 분석 장치.

## 청구항 15

컴퓨터 판독 가능한 기록매체에 저장되어 있는 컴퓨터 프로그램으로서,

상기 컴퓨터 프로그램은,

복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계; 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 상기 적어도 하나의 이미지 데이터에 포함된 종자의 초분광 정보를 추출하는 단계; 및 상기 초분광 정보를 기반으로 상기 적어도 하나의 이미지에 포함된 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 단계; 를 포함하고,

상기 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계는,

상기 복수의 종자 각각에 대한 초분광 영상(HyperSpectral Image, HSI)을 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로 수집하고,

상기 초분광 정보를 추출하는 단계는,

상기 초분광 영상으로부터 하이퍼큐브(Hypercube)를 생성하고, 상기 하이퍼큐브에 대한 스펙트럼 언믹싱(spectral unmixing)을 수행하여 엔드 멤버(endmember) 및 점유도(abundance map)을 생성하여, 상기 초분광 정보를 추출하고,

상기 종자 특성 정보를 생성하는 단계는,

상기 엔드 멤버 및 점유도를 기반으로 상기 초분광 영상에서 종자 영역을 추출하고, 상기 종자 영역에 대한 상기 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는, 종자 형질 분석 방법을 수행하기 위한 명령어를 포함하는, 컴퓨터 판독 가능한 기록매체에 저장된 컴퓨터 프로그램.

## 청구항 16

컴퓨터 프로그램이 저장된 컴퓨터 판독 가능한 기록매체로서,

상기 컴퓨터 프로그램은,

복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계; 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 상기 적어도 하나의 이미지 데이터에 포함된 종자의 초분광 정보를 추출하는 단계; 및 상기 초분광 정보를 기반으로 상기 적어도 하나의 이미지에 포함된 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 단계; 를 포함하고,

상기 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계는,

상기 복수의 종자 각각에 대한 초분광 영상(HyperSpectral Image, HSI)을 상기 적어도 하나의 이미지 데이터로 수집하고,

상기 초분광 정보를 추출하는 단계는,

상기 초분광 영상으로부터 하이퍼큐브(Hypercube)를 생성하고, 상기 하이퍼큐브에 대한 스펙트럼 언믹싱(spectral unmixing)을 수행하여 엔드 멤버(endmember) 및 점유도(abundance map)을 생성하여, 상기 초분광 정보를 추출하고,

상기 종자 특성 정보를 생성하는 단계는,

상기 엔드 멤버 및 점유도를 기반으로 상기 초분광 영상에서 종자 영역을 추출하고, 상기 종자 영역에 대한 상

기 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는, 종자 형질 분석 방법을 수행하기 위한 명령어를 포함하는, 저장된 컴퓨터 판독 가능한 기록매체.

## 발명의 설명

### 기술 분야

[0001] 본 발명은 종자 형질 분석 기술에 관한 것으로서, 구체적으로 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 기반으로 종자를 분류하는 기술에 관한 것이다.

### 배경 기술

[0002] 종자는 식량으로서뿐만 아니라 작물의 생산량을 결정하는 유전적 기반이 된다. 종자의 질을 평가하는 방법에는 주로 수작업(manual inspection)이 전통적으로 사용되어 왔는데, 특히 대량의 종자를 분류하고 평가하는 데 있어서 오류가 많고 노동집약적이며 시간이 많이 소요된다는 단점이 있다.

[0003] 이러한 단점을 보완하고자 종자의 표현형을 2차원 혹은 3차원 영상 형태로 획득한 후 컴퓨터를 이용하여 대량으로 분석할 수 있는 기법들이 개발되었다. 이에 사용하는 영상에는 RGB 칼라, X선 영상, 그리고 초분광 영상을 포함한다. RGB 칼라 영상을 이용하는 종자 표현형 분석 툴로는 SmartGrain (Tanabata et al., 2012), SeedExtractor(Zhu et al., 2020)이 있다.

### 발명의 내용

#### 해결하려는 과제

[0004] 본 발명의 목적은, 종자 수준에서 종자의 표현형을 분류하는 기술을 제공하는 것이다.

[0005] 또한, 본 발명의 목적은, 콩, 밀, 옥수수 등과 같이, 개별 종자로부터 획득한 초분광 영상 이미지에 의거하여 관별되는 핵심집단 accession 분류에 기반하여 표현형을 평가하는 기술을 제공하는 것이다.

[0006] 또한, 본 발명의 목적은 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 기술을 제공하는 것이다.

[0007] 또한, 본 발명의 목적은 종자 특성 정보를 기반으로 종자를 분류하는 기술을 제공하는 것이다.

#### 과제의 해결 수단

[0008] 본 발명의 일 측면에 따르면, 종자 형질 분석 방법은, 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계; 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 적어도 하나의 이미지 데이터에 포함된 종자의 초분광 정보를 추출하는 단계; 및 초분광 정보를 기반으로 적어도 하나의 이미지에 포함된 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 단계;를 포함할 수 있다.

[0009] 일 실시예에서, 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계는, 복수의 종자 각각에 대한 초분광 영상(HyperSpectral Image, HSI)을 적어도 하나의 이미지 데이터로 수집하고, 초분광 정보를 추출하는 단계는, 초분광 영상으로부터 하이퍼큐브(Hypercube)를 생성하고, 하이퍼큐브에 대한 스펙트럼 언믹싱(spectral unmixing)을 수행하여 엔드 멤버(endmember) 및 점유도(abundance map)를 생성하여, 초분광 정보를 추출하고, 종자 특성 정보를 생성하는 단계는, 엔드 멤버 및 점유도를 기반으로 초분광 영상에서 종자 영역을 추출하고, 종자 영역에 대한 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성할 수 있다.

[0010] 일 실시예에서, 종자 형질 분석 방법은, 복수의 종자 각각에 대한 종자 특성 정보를 기반으로 종자의 종류 및 종자 특성 정보를 포함하는 종자 데이터베이스를 생성하는 단계;를 더 포함할 수 있다.

[0011] 일 실시예에서, 종자 데이터베이스를 생성하는 단계는, 생성된 종자 특성 정보를 미리 설정된 종자 특성 정보와 비교하여, 생성된 종자 특성 정보를 검증하고, 생성된 종자 특성 정보 중 유효한 것으로 검증된 종자 특성 정보를 기반으로 종자 데이터베이스를 생성할 수 있다.

[0012] 일 실시예에서, 종자 형질 분석 방법은, 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터 및 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 생성된 종자 특성 정보를 기반으로, 타겟 종자의 이미지 데이터로부터 타겟 종자의 종류를 분류하도록 종자 분류 모델을 학습 시키는 단계;를 더 포함할 수 있다.

[0013] 일 실시예에서, 종자 형질 분석 방법은, 타겟 종자의 이미지 데이터를 획득하는 단계; 및 학습된 종자 분류 모델을 이용하여 타겟 종자의 이미지 데이터를 기반으로 타겟 종자의 종류를 분류하는 단계;를 더 포함할 수 있다.

[0014] 일 실시예에서, 종자 형질 분석 방법은, 타겟 종자의 이미지 데이터를 획득하는 단계; 타겟 종자의 이미지 데이터로부터 타겟 종자의 종자 특성 정보를 생성하는 단계; 및 타겟 종자의 종자 특성 정보를 기반으로 종자 데이터베이스를 검색하여 타겟 종자의 종류를 분류하는 단계;를 더 포함할 수 있다.

[0015] 또한, 본 발명의 다른 측면에 따르면, 종자 분석 장치는, 명령어를 포함하는 메모리; 및 명령어를 실행함으로써, 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집하는 단계; 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 적어도 하나의 이미지 데이터에 포함된 종자의 초분광 정보를 추출하는 단계; 및 초분광 정보를 기반으로 적어도 하나의 이미지에 포함된 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 단계;를 포함하는, 종자 형질 분석 방법을 수행하는 프로세서;를 포함할 수 있다.

### 발명의 효과

[0016] 본 발명의 일 측면에 따르면, 종자 수준에서 종자의 표현형을 분류는 것이 가능하게 된다.

[0017] 또한, 본 발명의 다른 측면에 따르면, 콩, 밀, 옥수수 등과 같이, 개별 종자로부터 획득한 초분광 영상 이미지에 의거하여 판별되는 핵심집단 accession 분류에 기반하여 표현형을 평가하는 것이 가능하게 된다.

[0018] 또한, 본 발명의 또 다른 측면에 따르면, 종자의 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성하는 것이 가능하게 된다.

[0019] 또한, 본 발명의 또 다른 측면에 따르면, 종자 특성 정보를 기반으로 종자를 분류하는 것이 가능하게 된다.

### 도면의 간단한 설명

[0020] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 종자 분석 장치의 블록도이다.

도 2는 본 발명의 일 실시예에 따른 종자 형질 분석 방법의 흐름도이다.

도 3은 본 발명의 일 실시예에 따른 종자 특성 정보 생성 방법을 설명하기 위한 도면이다.

도 4는 본 발명의 다른 실시예에 따른 종자 분석 장치의 블록도이다.

### 발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0021] 본 발명의 이점 및 특징, 그리고 그것들을 달성하는 방법은 첨부되는 도면과 함께 상세하게 후술되어 있는 실시예들을 참조하면 명확해질 것이다. 그러나 본 발명은 이하에서 개시되는 실시예들에 한정되는 것이 아니라 다양한 형태로 구현될 수 있으며, 단지 본 실시예들은 본 발명의 개시가 완전하도록 하고, 본 발명이 속하는 기술분야에서 통상의 지식을 가진 자에게 발명의 범주를 완전하게 알려주기 위해 제공되는 것이며, 본 발명의 범주는 청구항에 의해 정의될 뿐이다.

[0022] 본 발명의 실시예들을 설명함에 있어서 공지 기능 또는 구성에 대한 구체적인 설명은 본 발명의 실시예들을 설명함에 있어 실제로 필요한 경우 외에는 생략될 것이다. 그리고 후술되는 용어들은 본 발명의 실시예에서의 기능을 고려하여 정의된 용어들로서 이는 사용자, 운용자의 의도 또는 관례 등에 따라 달라질 수 있다. 그러므로 그 정의는 본 명세서 전반에 걸친 내용을 토대로 내려져야 할 것이다.

[0023] 이하 사용되는 '...부', '...기' 등의 용어는 적어도 하나의 기능이나 동작을 처리하는 단위를 의미하며, 이는 하드웨어나 소프트웨어, 또는, 하드웨어 및 소프트웨어의 결합으로 구현될 수 있다.

[0025] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 종자 형질 분석 장치의 블록도이다.

[0026] 도 1을 참조하면, 본 발명의 일 실시예에 따른 종자 분석 장치(1000)는, 프로세서(1100) 및 메모리(1200)를 포함할 수 있다.

[0027] 프로세서(1100)는 메모리(1200)에 저장된 명령어를 실행함으로써, 종자 분석 장치(1000)의 전반적인 동작을 제어할 수 있다.

[0028] 일 실시예에, 프로세서(1100)는 메모리(1200)에 저장된 명령어를 실행함으로써, 종자 분석을 위한 일체의 동작

을 수행할 수 있다.

- [0029] 메모리(1200)는 종자 분석 장치(1000)의 전반적인 동작을 수행하기 위한 명령어를 포함할 수 있다.
- [0030] 일 실시예에서, 메모리(1200)는 종자 분석을 위한 일체의 동작을 수행하기 위한 명령어를 포함할 수 있다.
- [0031] 이하, 종자 분석 장치(1000)의 구체적인 동작을 도 2 내지 도 3을 참조하여 후술한다.
- [0033] 도 2는 본 발명의 일 실시예에 따른 종자 형질 분석 방법의 흐름도이다.
- [0034] 이하, 상기 방법은 도 1에 도시된 종자 분석 장치(1000)에 의해 수행되는 것을 예시로 설명한다.
- [0035] 단계 S2100에서, 종자 분석 장치(1000)는 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터를 수집할 수 있다.
- [0036] 일 실시예에서, 종자 분석 장치(1000)는 초분광 영상(HyperSpectral Image, HSI) 센서를 이용하여 종자를 촬영한 이미지를 이미지 데이터로 수집할 수 있다. 초분광 영상(HyperSpectral Image, HSI)은 공간 정보에 가시광선과 근적외선 영역 내 수백 개의 스펙트럼 밴드에 해당하는 반사율 데이터를 갖는 영상을 의미한다.
- [0037] 일 실시예에서, 이미지 데이터는 한국 대두 핵심 컬렉션(Korean soybean core collection, KSCC)에서 제공되는 이미지일 수 있다.
- [0038] 일 실시예에서, 종자는 밀, 옥수수, 대두, 콩 등의 작물의 종자를 의미할 수 있다.
- [0039] 단계 S2200에서, 종자 분석 장치(1000)는 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 적어도 하나의 이미지 데이터에 포함된 종자의 초분광 정보를 추출할 수 있다.
- [0040] 일 실시예에서, 종자 분석 장치(1000)는 복수의 종자 각각에 대한 초분광 영상으로부터 하이퍼큐브(Hypercube)를 생성할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 하이퍼큐브에 대한 스펙트럼 언믹싱(spectral unmixing)을 수행하여 엔드 멤버(endmember) 및 점유도(abundance map)를 생성함으로써, 엔드 멤버 및 점유도를 포함하는 초분광 정보를 생성할 수 있다. 영상의 기본단위인 화소는 많은 경우에 순수한 분광 성분뿐만 아니라 다수의 분광성분이 혼재하는 혼합화소(mixed pixel)이다. 이때 순수한 분광을 엔드멤버(endmember)라 한다. 혼합화소를 구성하는 엔드멤버와 이들의 점유도(abundance)를 분석하는 과정을 분광해제(spectral unmixing)라고 한다.
- [0041] 단계 S2300에서, 종자 분석 장치(1000)는 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 생성된 초분광 정보를 기반으로, 복수의 종자 각각에 대한 종자 특성 정보를 생성할 수 있다.
- [0042] 일 실시예에서, 종자 분석 장치(1000)는 엔드 멤버 및 점유도를 포함하는 초분광 정보를 기반으로 초분광 영상에서 종자 영역을 추출할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 종자 영역에 대한 형상 특징 및 분광 특징을 포함하는 종자 특성 정보를 생성할 수 있다.
- [0043] 일 실시예에서, 형상 특징은 종자의 크기, 모양, 형태 등의 정보를 포함할 수 있다.
- [0044] 일 실시예에서, 분광 특징 정보는 종자의 색상 정보를 포함할 수 있다.
- [0045] 단계 S2400에서, 종자 분석 장치(1000)는 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 생성된 종자 특성 정보 및 초분광 정보를 포함하는 종자 데이터베이스를 생성할 수 있다.
- [0046] 일 실시예에서, 종자 분석 장치(1000)는 복수의 종자 각각에 대해 미리 설정된 종자 특성 정보와 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 생성된 종자 특정 정보를 비교하여, 이미지 데이터로부터 생성된 종자 특정 정보에 대한 검증을 수행할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 생성된 종자 특정 정보 중 유효한 것으로 검증된 종자 특정 정보 및 이에 대응하는 초분광 정보를 포함하는 종자 데이터베이스를 생성할 수 있다.
- [0047] 단계 S2500에서, 종자 분석 장치(1000)는 종자 데이터베이스를 기반으로 타겟 종자의 종류를 분류할 수 있다. 구체적으로, 종자 분석 장치(1000)는 타겟 종자의 이미지 데이터를 획득할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 타겟 종자의 이미지 데이터로부터 타겟 종자의 종자 특성 정보를 생성할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 타겟 종자의 종자 특성 정보를 기반으로 종자 데이터베이스를 검색할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 종자 데이터베이스에 저장된 종자 특성 정보 중 타겟 종자의 종자 특성 정보에 대응하는 종자 특성 정보에 포함된 종자의 종류를 타겟 종자의 종류로 분류할 수 있다.
- [0048] 단계 S2600에서, 종자 분석 장치(1000)는 종자 분류 모델을 학습시킬 수 있다. 구체적으로, 종자 분석 장치

(1000)는 복수의 종자 각각에 대한 적어도 하나의 이미지 데이터 및 적어도 하나의 이미지 데이터로부터 생성된 종자 특성 정보를 기반으로, 종류 분류 대상인 타겟 종자의 이미지 데이터로부터 타겟 종자의 종류를 분류하도록 종자 분류 모델을 학습시킬 수 있다.

[0049] 단계 S2700에서, 종자 분석 장치(1000)는 종자 분류 모델을 기반으로 타겟 종자의 종류를 분류할 수 있다. 구체적으로, 종자 분석 장치(1000)는 타겟 종자의 이미지 데이터를 획득할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 학습된 종자 분류 모델을 이용하여 타겟 종자의 이미지 데이터를 기반으로 타겟 종자의 종류를 분류할 수 있다.

[0051] 도 3은 본 발명의 일 실시예에 따른 종자 특성 정보 생성 방법을 설명하기 위한 도면이다.

[0052] 도 3을 참조하면, KSCC에 등록된 대두의 종자 특성 정보를 생성하는 예시가 도시되어 있다. 종자 분석 장치(1000)는, KSCC에 등록된 대두에 대한 초분광 이미지를 획득(HIS acquisition)할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는, 초분광 이미지 데이터를 하이퍼큐브(Hypercube)로 변환할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 하이퍼큐브에 대한 언믹싱(spectral unmixing)을 수행할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 언믹싱을 수행한 결과로써, 엔드 멤버(endmember) 및 점유도(abundance map)를 생성할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 엔드 멤버 및 점유도를 기반으로, 종자 영역을 제외한 배경 영역을 제거(seed segmentation)함으로써, 배경 영역이 제거된 종자 영역(segmented seed)을 검출할 수 있다. 종자 분석 장치(1000)는 배경 영역이 제거된 종자 영역으로부터 종자의 형상 특징(morphological features) 및 초분광 특징(hyperspectral features)을 추출(features extraction)함으로써, 종자 특성 정보를 생성할 수 있다. 여기서, 형상 특징은 대(large), 중(medium), 소(small) 등과 같은 종자의 크기(size), 구형(spherical), 긴 구형(spherical elongated), 편평(flattened), 긴 편평(flattened elongated) 등과 같은 형상을 포함할 수 있다. 분광 특징은 노랑(Y), 노랑 초록(YG), 초록(G), 밝은 청색(LB), 중간 청색(MB), 어두운 청색(DB), 보라(P), 청색(B) 등과 같은 종자 외피(seed coat), 혈륜 색상(hlium color), 외피 EM(coat EM), 점유(abundance), 평균 반사율(avg reflectance) 등의 엔드멤버(endmember) 등을 포함할 수 있다. 종자 특성 정보는 KSCC에 등록된 종자에 대한 종자 무게(seed weight), 외피(coat), 혈륜(hlium) 등과, 하이퍼큐브의 RGB 색상 정보(RGB colorization)인 종자의 면적(area), 폭(width), 높이(height), 두께(thickness) 등과 같은 형상 특징들(morphological properties) 등을 사람이 생성한 미리 설정된 종자 특성 정보를 검증 데이터로 이용하여, 종자의 형상 특징(morphological features) 및 분광 특징(spectral features)로부터 생성된 종자 특성 정보를 검증(validation)할 수 있다.

[0053] 여기서, 검증이 완료된 종자 특성 정보는 종자의 분류를 위한 종자 데이터베이스, 종자 분류 모델의 학습 데이터, 종자 분류 등에 이용될 수 있다.

[0055] 도 4는 본 발명의 다른 실시예에 따른 종자 분석 장치(1000)의 블록도이다.

[0056] 도 4에 도시된 바와 같이, 종자 분석 장치(1000)는 프로세서(4100), 메모리(4200), 저장부(4300), 사용자 인터페이스 입력부(4400) 및 사용자 인터페이스 출력부(4500) 중 적어도 하나 이상의 요소를 포함할 수 있으며, 이들은 버스(4600)를 통해 서로 통신할 수 있다. 또한, 종자 분석 장치(1000)는 네트워크에 접속하기 위한 네트워크 인터페이스(4700)를 또한 포함할 수 있다. 프로세서(4100)는 메모리(4200) 및/또는 저장소(4300)에 저장된 처리 명령어를 실행시키는 CPU 또는 반도체 소자일 수 있다. 메모리(4200) 및 저장부(4300)는 다양한 유형의 휘발성/비휘발성 기억 매체를 포함할 수 있다. 예를 들어, 메모리는 ROM(4240) 및 RAM(4250)을 포함할 수 있다.

[0058] 이상에서 설명된 장치는 하드웨어 구성요소, 소프트웨어 구성요소, 및/또는 하드웨어 구성요소 및 소프트웨어 구성요소의 조합으로 구현될 수 있다. 예를 들어, 실시예들에서 설명된 장치 및 구성요소는, 예를 들어, 프로세서, 콘트롤러, ALU(arithmetic logic unit), 디지털 신호 프로세서(digital signal processor), 마이크로컴퓨터, FPA(field programmable array), PLU(programmable logic unit), 마이크로프로세서, 또는 명령(instruction)을 실행하고 응답할 수 있는 다른 어떠한 장치와 같이, 하나 이상의 범용 컴퓨터 또는 특수 목적 컴퓨터를 이용하여 구현될 수 있다. 처리 장치는 운영 체제(OS) 및 운영 체제 상에서 수행되는 하나 이상의 소프트웨어 애플리케이션을 수행할 수 있다.

[0059] 또한, 처리 장치는 소프트웨어의 실행에 응답하여, 데이터를 접근, 저장, 조작, 처리 및 생성할 수도 있다. 이해의 편의를 위하여, 처리 장치는 하나가 사용되는 것으로 설명된 경우도 있지만, 해당 기술분야에서 통상의 지식을 가진 자는, 처리 장치가 복수 개의 처리 요소(processing element) 및/또는 복수 유형의 처리 요소를 포함할 수 있음을 알 수 있다. 예를 들어, 처리 장치는 복수 개의 프로세서 또는 하나의 프로세서 및 하나의 콘트롤러를 포함할 수 있다. 또한, 병렬 프로세서(parallel processor)와 같은, 다른 처리 구성(processing configuration)도 가능하다.

[0060] 소프트웨어는 컴퓨터 프로그램(computer program), 코드(code), 명령(instruction), 또는 이들 중 하나 이상의 조합을 포함할 수 있으며, 원하는 대로 동작하도록 처리 장치를 구성하거나 독립적으로 또는 결합적으로(collectively) 처리 장치를 명령할 수 있다. 소프트웨어 및/또는 데이터는, 처리 장치에 의하여 해석되거나 처리 장치에 명령 또는 데이터를 제공하기 위하여, 어떤 유형의 기계, 구성요소(component), 물리적 장치, 가상 장치(virtual equipment), 컴퓨터 저장 매체 또는 장치, 또는 전송되는 신호 파(signal wave)에 영구적으로, 또는 일시적으로 구체화(embody)될 수 있다. 소프트웨어는 네트워크로 연결된 컴퓨터 시스템 상에 분산되어서, 분산된 방법으로 저장되거나 실행될 수도 있다. 소프트웨어 및 데이터는 하나 이상의 컴퓨터 판독 가능 기록 매체에 저장될 수 있다.

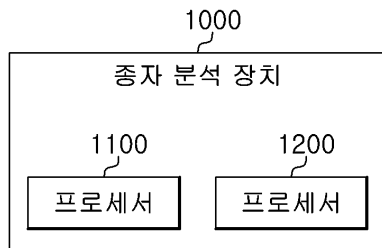
[0062] 이상의 설명은 본 발명의 기술 사상을 예시적으로 설명한 것에 불과한 것으로서, 본 발명이 속하는 기술 분야에서 통상의 지식을 가진 자라면 본 발명의 본질적인 품질에서 벗어나지 않는 범위에서 다양한 수정 및 변형이 가능할 것이다. 따라서, 본 명세서에 개시된 실시예들은 본 발명의 기술 사상을 한정하기 위한 것이 아니라 설명하기 위한 것이고, 이러한 실시예에 의하여 본 발명의 기술 사상의 범위가 한정되는 것은 아니다. 본 발명의 보호 범위는 아래의 청구범위에 의하여 해석되어야 하며, 그와 균등한 범위 내에 있는 모든 기술사상은 본 발명의 권리범위에 포함되는 것으로 해석되어야 할 것이다.

### 부호의 설명

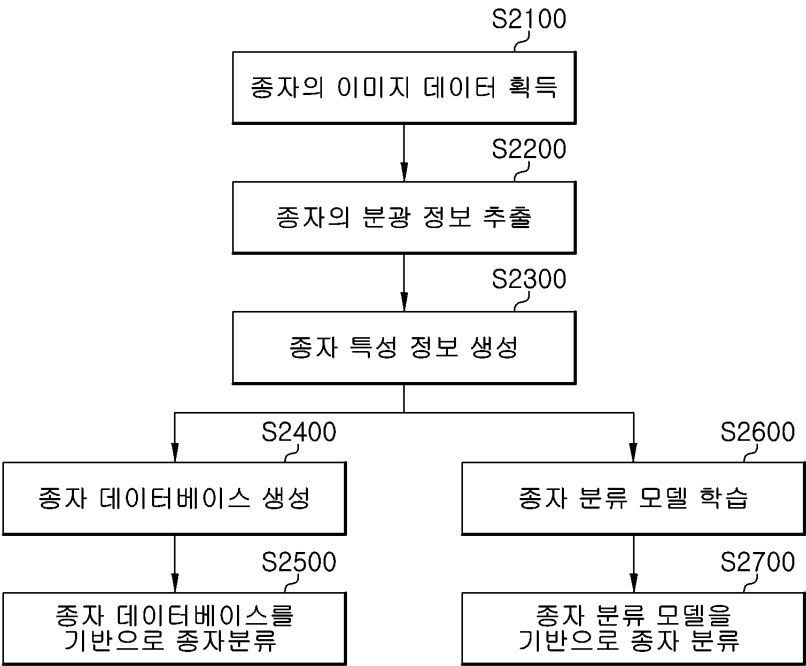
[0063] 1000: 종자 분석 장치                      1100: 프로세서  
1200: 메모리

### 도면

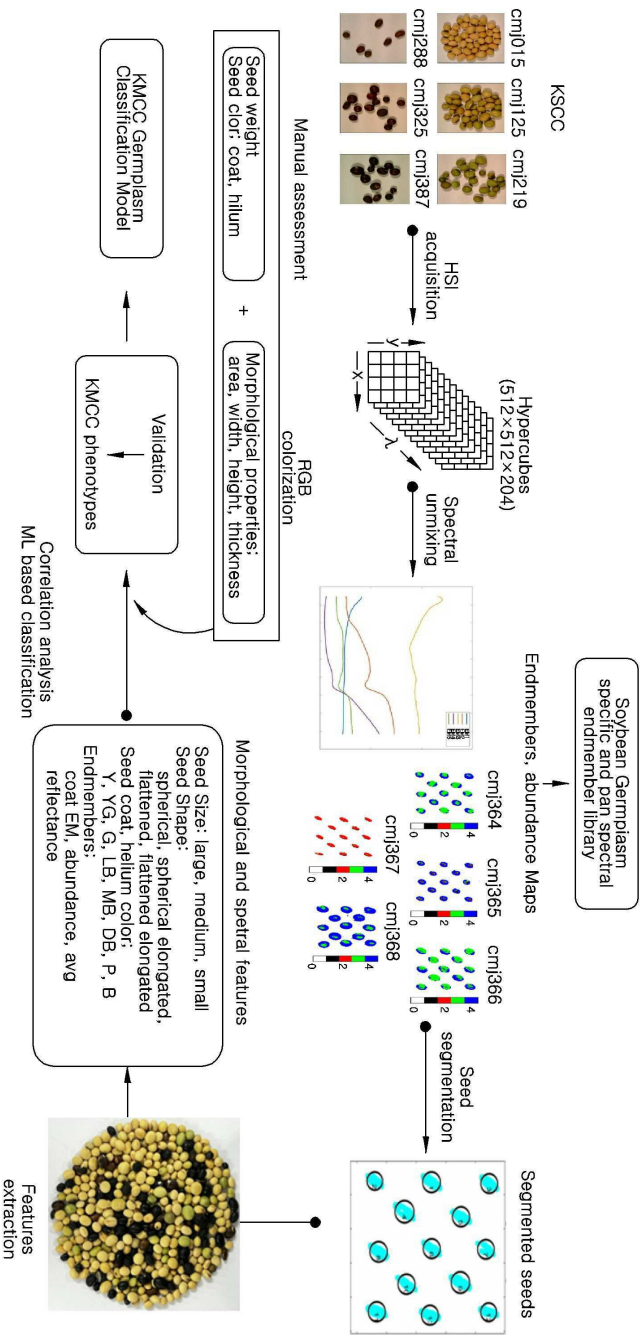
#### 도면1



도면2



도면3



도면4

