

物体検出アルゴリズム YOLO を用いたコロニー計測アプリケーションの開発 — バイオ × IoT+AI の学科間協働による共通教材化の可能性の検討 —

学校名 専門学校東京テクニカルカレッジ

所属学科 バイオテクノロジー科, IoT+AI 科

著者名 ○島田あすか ○三谷頼冬 宮ノ下いずる 藤原瑞卿

1. はじめに

微生物培養の評価において、シャーレ上のコロニー数や分布を正確に把握することが重要である。従来は目視による手作業が中心で、学生実験や基礎研究では学習や観察の一環として有効である一方、大量のサンプルを扱う際には時間と労力が大きな負担となり、計数のばらつきも避けにくい。近年は深層学習による物体検出技術が発展しており、画像処理による自動計測を導入することで、教育の場では学習効率を高め、研究や品質管理の現場では多数のシャーレを迅速かつ正確に評価できることが期待される。

本研究の目的は、バイオテクノロジー科と IoT+AI 科の学科連携による新たな試みとして、YOLO を用いたコロニー自動計測アプリケーションを開発し、その教育的活用の可能性を探ることである。具体的には、学生がデータセットの構築から学習、評価、運用までのプロセスを体験することで、

- 1) バイオ分野における計測作業の効率化と精度向上
- 2) IoT+AI 科学生による機械学習技術の実践的活用
- 3) 学科間協働による共通教材化の可能性の検討

を目指す。

2. 背景

学生実験では、目視によるコロニー数のカウントが一般的であるが、長時間のカウント作業に伴う集中力低下や、誤検出が課題となる。そこで本研究では、(1)3 菌種（酵母 *Saccharomyces cerevisiae*, 大腸菌 *Escherichia coli*, 黄色ブドウ球菌 *Staphylococcus aureus*）を対象にしたシャーレ画像データセットの構築と厳密なラベリング、(2) 学習・検証・テスト分割の徹底、(3) 再現率 (recall)・適合率 (precision) および F1 値を用いた評価を段階的に実施した。

3. 本研究の貢献

本研究は、専門学校という教育環境に根ざし、バイオテクノロジー科と IoT+AI 科の学科間連携という本校ならではの協働から生まれた新たな可能性を示す点に特色がある。具体的には、以下の貢献を挙げることができる。

- 1) 実験室での運用を想定し、Streamlit ベースのアプリケーション（「Colony Counter」）として、結果表示や再計測支援などのツールを提供した。
- 2) 学生実習におけるデータ作成・学習・評価のプロセスを教育現場に組み込み、学科横断的な協働から共通教材として活用可能な枠組みを提示した。

4. 開発工程

4.1 体制と役割分担

- 1) バイオ班：培養条件の検討・最適化、サンプルの調製、撮影プロトコル策定、アノテーション基準の定義とコロニー数の確定
- 2) IoT+AI 班：データ前処理、アノテーション運用、モデル学習・評価、誤り分析と改善計画

4.2 実験工程

本研究では、コロニー画像を収集・ラベリングし、学習 70~80%、検証 10~15%、テスト 10~15%に分割してデータセットを作成した。YOLO（例：YOLOv11n）を用い、入力サイズ 640×640、バッチ 16、エポック 200 で学習を実行し、F1-Curve を確認して信頼度閾値を決定した。実環境画像での推論により再現率・誤検出・応答時間を評価し、必要に応じてデータ追加やアノテーション修正を行って精度を考慮した最適モデルを選定した。最後に選定モデルを Streamlit アプリに組み込み、可視化・CSV 出力・再計測 UI を整備して動作確認を行った。

5. 結果

5.1 定量評価（YOLO：例 YOLOv11n）

- 1) データ分割：Train 70-80%/Valid 10-15%/Test 10-15%.
- 2) ベースライン：信頼度 0.39 時に F1=0.71, 実測平均再現率は約 39%.
- 3) 改善後：データ分布の均し込み・閾値最適化後、信頼度 0.49 で F1=0.83 を達成（目標 F1≥0.80 到達）。（図 1）

Asuka Shimada, Raito Mitani, Izuru Miyanoshita, Zuikyo Fujiwara
Email: m.shirai@ttc.ac.jp

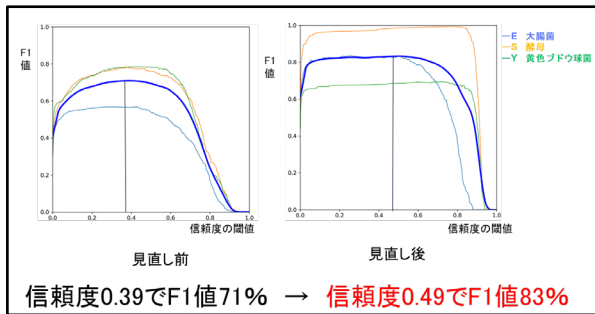


図1 データセット見直し後のF1-Curve

- 4) 菌種別再現率：酵母 94%, 黄色ブドウ球菌 88%, 大腸菌 39% (図2)

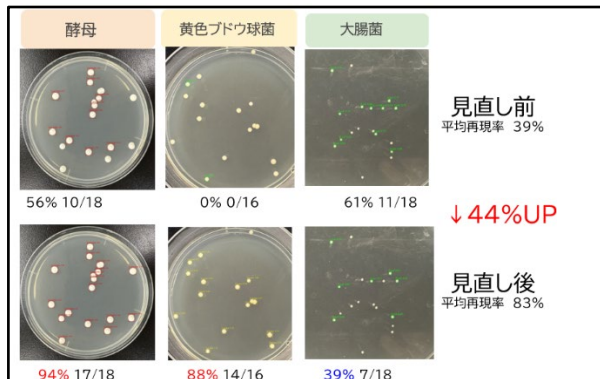


図2 菌種別見直し前後の比較

5.2 アプリケーション検証

- 1) 画像投入→推論→確信度可視化→再計測UIが一連で機能.
- 2) 教員／学生の試用で、目視カウント時間の短縮とカウント根拠の可視化により再確認が容易. (図3)

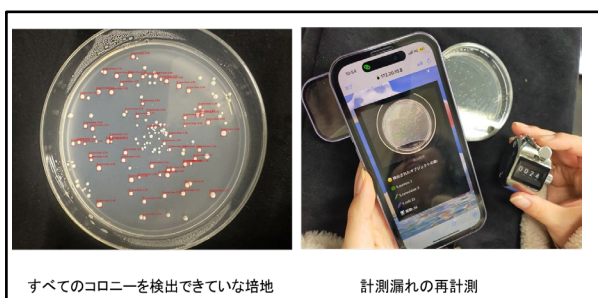


図3 アプリケーションの検証

6. 考察

6.1 クラス不均衡とコロニー数の影響

各菌種 55 枚を収集したものの、実際のコロニー数は菌種間で偏在した(例：黄色ブドウ球菌が少ない)。有効な正例数が不足したため特徴を十分に学習できず、判断精度が不安定となり再現率が低下した。今後は希釈率や培養時間を系統的に調整し、多様な大きさ・密度のコロニー画像を確保することが課題解決に不可欠である。

6.2 外観類似・重なりによる失敗

混合シャーレでは、サイズ・色調・輪郭の類似や近接・重なりが誤検出／種別誤りの主因となった。特にコロニーが小さく淡色の大腸菌は背景とコントラストが低く、汚れや気泡と混同しやすい。また、重なったコロニーの分離に限界がある。そのため、コロニーの培養条件の整えが必要だ。

7. 今後の課題と展望

7.1 データ拡充と設計

現在のモデルは再現率が不十分で、特に三種混合シャーレでは黄色ブドウ球菌や大腸菌の検出精度に課題がある。これを克服するには、希釈倍率や培養時間を調整し、多様な密度や大きさのコロニー画像を追加収集して汎化性能を高め、教育現場での実用性を強化する必要がある。

7.2 応用展開

本研究は、本校の学科間連携から生まれた新たな教材化の可能性を示した点に特色がある。今後は、バイオテクノロジー科の実験データとIoT+AI科の技術的知見を融合し、学科横断的に再利用できる教材へと発展させることを目指す。これにより、学生はそれぞれの専門分野を超えて協働し、データ構築・機械学習・評価・運用の一連のサイクルを体験できる教育モデルの実現が期待できる。さらに、本研究で得られた知見は、微生物コロニー計測にとどまらず、他のバイオ実験データや教育現場でのAI応用教材へも展開可能である。このような学科間協働の仕組みは、専門学校教育における実践的・横断的学びのモデルケースとなることが期待される。

謝辞

本研究の遂行にあたり、専門学校東京テクニカルカレッジのバイオテクノロジー科およびIoT+AI科の先生方から多大なご指導・ご助言を賜りました。また、データ収集・アノテーション・アプリ検証に参加してくれた学生諸氏に心より御礼申し上げます。

〈参考文献等〉

Naets, T. et al. (2021). A Mask R-CNN approach to counting bacterial CFUs in pharmaceutical development. *Machine Learning*
 Carl, S.H. et al. (2020). A fully automated deep learning pipeline for high-throughput colony segmentation and classification. *Biology Open*.

〈キーワード〉コロニーカウント、物体検出、YOLO、共通教材、学科間の横断