

グラム染色画像からの感染症起炎菌の検出

菓子野 右京^{a)} 平田 耕一^{b)}

受付日 2024年2月8日, 再受付日 2015年7月16日 / 2015年11月20日,
採録日 2024年2月26日

概要: 感染症の初期診断に利用されるグラム染色は, 検体材料に存在する菌を染色液に染め上げ, その染色性と形状から顕微鏡検査により菌種を推定する手法である. 本論文では, 感染症起炎菌として, 4種類のグラム陽性球菌 (腸球菌, 黄色ブドウ球菌, 肺炎球菌, B群レンサ球菌), 1種類のグラム陰性球菌 (ブランハメラ・カタラーリス), 2種類のグラム陽性桿菌 (ウェルシュ菌, コリネバクテリウム), および, 6種類のグラム陰性桿菌 (緑膿菌, キャンピロバクター, 大腸菌, ピロリ菌, インフルエンザ菌, 肺炎桿菌) の13種類の菌に着目する. そして, グラム染色画像におけるそれぞれの菌のアノテーションから, 深層学習の物体検出器である YOLOv5 と YOLOv8 を利用することでこれらの感染症起炎菌を検出する.

キーワード: 2130500 機械学習・データマイニング, 2150205 画像認識・理解, 2170301 医療・福祉支援

Detecting Infectious Disease-Causing Bacteria from Gram Stained Smears Images

UKYO KASHINO^{a)} KOUICHI HIRATA^{b)}

Received: February 8, 2024, Revised: July 16, 2015/November 20, 2015,
Accepted: February 26, 2024

Abstract: The Gram stain, which is applied to the initial medical care for infectious diseases, is the method to detect bacteria by the stained color and the stained shapes in microscope test. In this paper, as infectious disease-causing bacteria, we focus on 13 types of bacteria, that is, 4 types of Gram positive cocci (*Enterococcus faecalis*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae* and Group B *Streptococcus*), 1 type of Gram negative cocci (*Branhamella catarrhalis*), 2 types of Gram positive bacilli (*Clostridium perfringens* and *Corynebacterium*) and 6 types of Gram negative bacilli (*Pseudomonas aeruginosa*, *Campylobacter*, *Eschericia coli*, *Helicobacter pylori*, *Haemophilus influenzae* and *Klebsiella pneumoniae*). Then, we detect their bacteria from Gram stained smear images, by annotating them and by applying YOLOv5 and YOLOv8 as object detectors in deep learning to them.

Keywords: 2130500 Machine Learning・Data Mining, 2150205 Image Recognition・Understanding, 2170301 Medical・Welfare Support

1. はじめに

グラム染色 [1] とは, 1884 年にデンマークの学者である Hans Christian Joachim Gram によって考案された微生物塗抹検査法である. この手法では, 喀痰, 尿, 便, 血液などの検体材料に存在する菌を染色液を用いて染め上げ, 藍色・

紫色, 赤色・桃色などの染色性や球状, 棒状, 単体, 対, 鎖状, クラスターなどの形状から菌種を推定する. グラム染色後に藍色や紫色に染色された菌をグラム陽性菌, 赤色や桃色に染色された菌をグラム陰性菌という. また, 染色された菌のうち球状の菌を球菌, 棒状の菌を桿菌という. したがって, グラム染色を行われた菌は, グラム陽性球菌, グラム陽性桿菌, グラム陰性球菌, グラム陰性桿菌の4種類に分類される.

グラム染色は安価に適用でき, 30 分以内に結果が得られ

^{†1} 現在, 九州工業大学
Presently with Kyushu Insutitute of Technology

^{a)} kashino.ukyo753@mail.kyutech.jp

^{b)} hirata@ai.kyutech.ac.jp

るので、感染症の初期診療に重要である。しかし、グラム染色は細菌だけではなく白血球、塵、油、結晶などの非細菌物質も染色が行われる。また、感染症の原因となる起炎性を持つ細菌は多く存在する。

顕微鏡検査ではグラム染色を行った塗抹標本を顕微鏡を用いて目視で検査するが、まだ自動化はされていない。その理由は、深層学習以前の画像認識では、設定が難しく、性能も低い上、計算時間がかかるという問題があったこと、それから、培養検査と同定検査を行うことによって、細菌を正確に検出することができるからである。厳密には培養検査では嫌気性の菌は生息しないので、同定検査では検出できない。そのため、培養検査と同定検査で検出された細菌は、塗抹標本に含まれる細菌の一部である。

また、培養検査と同定検査はそれぞれ、1日費やすため感染症の初期診療には適用できない。さらに、塗抹標本画像から目視で細菌を判別するには熟練した技術が必要であるが、そのような技術者が不足しているという問題がある。そこでグラム染色塗抹標本画像からの細菌の自動検出が求められる。そこで本論文では、以下の表1の感染症起炎菌に着目して検出を行う。図1は、これらの感染症起炎菌である。

グラム陽性球菌	腸球菌 肺炎球菌	黄色ブドウ球菌 B群レンサ球菌
グラム陰性球菌	ブランハメラ・カタラーリス	
グラム陰性桿菌	緑膿菌 大腸菌 インフルエンザ菌	キャンピロバクター ピロリ菌 肺炎桿菌
グラム陽性桿菌	ウェルシュ菌	コリネバクテリウム

このような研究の先行研究として Sugimoto と Hirata [7] は物体検出器 YOLOv5 [3] を用いて感染症起炎菌を検出した。しかし、グラム陽性球菌とグラム陰性球菌の mAP は 0.4 を下回った。また、Kashino ら [5] は YOLOv7 [8] を用いて感染症起炎菌を検出した。その際に、データの拡張方法として画像の4分割と元の大きさへ拡大し、矩形を捉えやすくすることで mAP は最高で 0.624 に達した。

本論文では先行研究 [6, 8] の結果を改善するために、まず、すべての細菌についてアノテーション領域を増やす。また、YOLOv5, YOLOv7 だけでなく、YOLO の最新版である YOLOv8 [4] も採用する。さらに、データ拡張により学習に使用する画像枚数を増やす。そして、グラム染色塗抹標本画像から感染症の起炎菌を検出し、その結果を評価する。

2. 検出手法と評価手法

2.1 物体検出モデル

本論文では、YOLOv5, YOLOv7, YOLOv8 を採用した。YOLO とは "You only look once" の頭字語を意味し、v5, v7, v8 はバージョン 5, バージョン 7, バージョン 8 を意

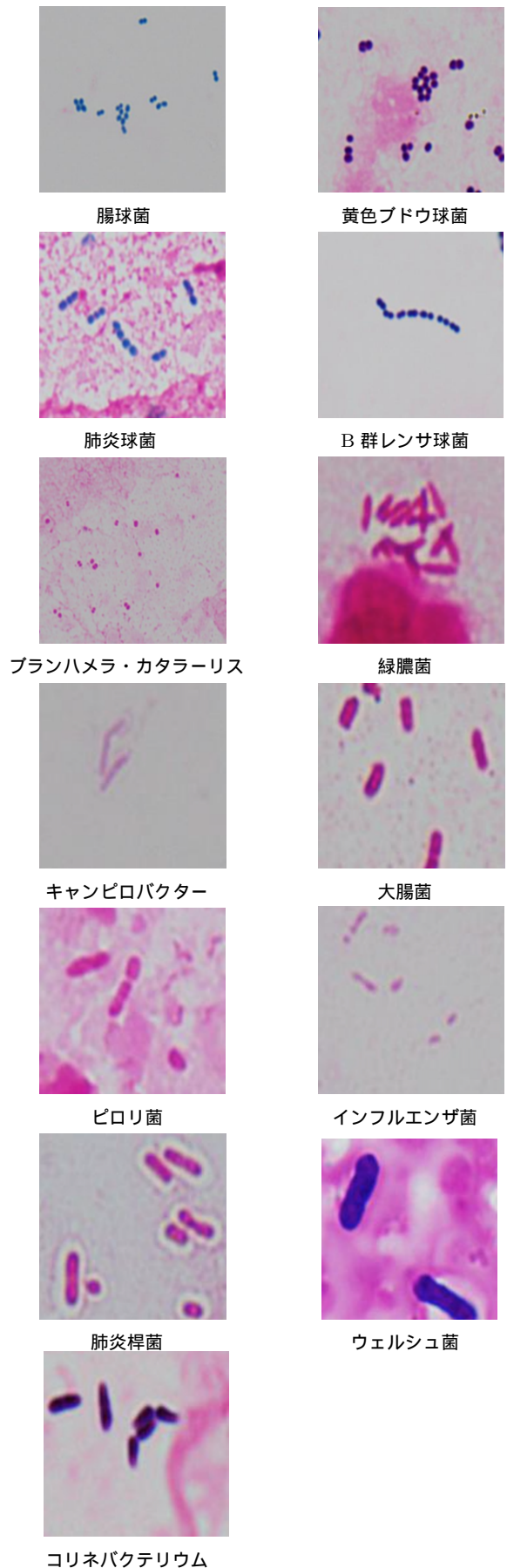


図 1 感染症起炎菌

表 2 YOLOv5 のモデル

モデル	深さ乗数	幅乗数
YOLOv5s	0.33	0.50
YOLOv5m	0.67	0.75
YOLOv5l	1.00	1.00
YOLOv5x	1.33	1.25

表 3 YOLOv8 のモデル

モデル	深さ乗数	幅乗数
YOLOv8s	0.33	0.50
YOLOv8m	0.67	0.75
YOLOv8l	1.00	1.00
YOLOv8x	1.00	1.25

$$IoU = \frac{P \cap T}{P \cup T}$$

IoU の閾値を $\delta(\%)$ と定義したときに $IoU \geq \delta$ となる予測矩形の数を TP, $IoU < \delta$ となる予測矩形の数を FP, $IoU < \delta$ となる正解矩形の数を FN とする. このとき, 適合率 (precision) と再現率 (recall) は, $\delta = 50(\%)$ の設定の下で以下のように定義される.

$$precision = \frac{TP}{TP + FP}, \quad recall = \frac{TP}{TP + FN}$$

適合率は正解であると予測した矩形がどれだけ実際に正解であるかを表し, 再現率は正解である矩形をどれだけ正しく予測できたかを表す.

また, 平均適合率 $AP\delta$ は δ 以上を正解としたときの異なる再現率における適合率の平均として定義される. 本稿では $\delta = 50$ と $\delta = 75$ のときの AP である AP50, AP75 を用いる. また, COCO [6] によって定められた mAP は δ を 0.5 から 0.95 まで 0.05 刻みで算出した AP の平均のことをいう.

本論文では, YOLOv5 と YOLOv8 のモデル深さ乗数とレイヤー幅乗数を以下の表 2, 表 3 のように変更した 4 つのモデルを使用する. COCO データセット [6] においては, 演算負荷と mAP は s, m, l, x の順に大きくなる. また, YOLOv7 においてはモデルとして YOLOv7, YOLOv7x の 2 つのモデルを使用する. 同様に, COCO データセットにおいては演算負荷は YOLOv7 の方が小さく, mAP は YOLOv7x の方が高い.

3. 感染症起炎菌の検出

3.1 実験環境と実験データ

今回の実験では学習回数は 500 回に設定し, バッチサイズはメモリの都合上 YOLOv5, YOLOv8 は 4, YOLOv7 は 2 で学習を行った. また計算機環境は以下の表 4 の通りである.

表 4 計算機環境

OS	Windows10 Home
メモリ	16.0GB
CPU	11th Gen Intel(R) Core(TM) i9-11900 @ 2.50GHz
GPU	NVIDIA GeForce RTX 3060

本実験では専門家の監修の下で画像中の菌を矩形で囲み, それに菌種のラベルを付けた画像 736 枚を使用する. 表 5 に矩形数と画像枚数を示す.

この画像を菌種別に学習に用いる学習用画像, ハイパーパラメータ調整に用いる検証用画像, モデルの性能評価時に用いるテスト用画像の 3 種に 1:1:1 の割合で分ける. 学習用画像に対してはデータ拡張として x 軸反転, y 軸反転

味する. YOLO は物体検出と矩形分類の全プロセスを単一のネットワークに統合した 1 ステージ型検出器である. YOLO の手法としては画像を小さな正方形の領域に分割し, その正方形ごとにバウンディングボックスを設置し, その信頼度を計算する. そしてそのグリッドがどのクラスに属するかという確率とバウンディングボックスごとの信頼度を組み合わせ, 最適なバウンディングボックスを物体として検出する.

YOLOv5 [3] は Jocher らによって発表された. YOLOv5 のネットワーク構造は画像から特徴マップを作成する Backbone, Backbone から受け取った特徴マップからよりよい特徴マップを生み出す Neck, クラス分類や領域の推定を行う Head の 3 つの構造から成る. まず入力された画像を backbone で畳み込みを行う. この際に Backbone 内で CSPNet を用いることで特徴マップの一部に対して畳み込みを行い残りを結合させることで精度を落とさずに演算負荷を減らすことが可能になる. 次に Neck では PANet が使用されており, 異なる階層の Backbone から特徴量を得ることで入力に近い層の特徴量を活用することが可能になる. 最後に Head では YOLOv3 と同じものが使用されており, 3 つの異なるスケールで予測を行うことで様々な大きさの物体の検出に対応することが可能になる.

YOLOv7 [8] は Wang らによって発表されており, YOLOv5 に比べ計算速度, 検出精度ともに向上している. 主なネットワーク構造は YOLOv5 と同じであるが, Backbone で ELAN という構造が採用されており, これは畳み込みの際に分岐を用いることでそれぞれの畳み込みのチャンネル数を少なくして高速な処理を可能にする. また, 学習時と推論時で異なるネットワークを用いることで計算負荷の削減を行う re-parameterization [2] も用いられている.

YOLOv8 [4] は ultralytics 社が発表した YOLO の最新版であり, YOLO シリーズでは最も精度が高い. YOLOv5 と比較すると C3 構造の代わりに C2flayer を採用し畳み込みを行っている. これは ELAN 構造のように畳み込みを分割させることで演算負荷の削減を行っている.

2.2 評価指標

本論文では評価指標として IoU (Intersection over Union) を用いる. これは物体検出の評価指標として一般に用いられ, 予測矩形 (P) に対する正解矩形 (T) の重なり具合を表す.

を行う。また、全画像に対して4分割を行い、元のサイズに拡張を行う。

3.2 実験結果

以下の表6から表18は各菌種に対するYOLOの各モデルによる検出における適合率、再現率、AP50、AP75、mAPの値である。ここで、太字はそれぞれの指標の最大値である。

表5 画像枚数と矩形数

菌種	菌名	画像枚数	矩形数
グラム陽性球菌	腸球菌	20	3748
	黄色ブドウ球菌	83	15131
	肺炎球菌	92	988
	B群レンサ球菌	19	2140
グラム陰性球菌	ブランハメラ・カタラーリス	39	4589
グラム陰性桿菌	緑膿菌	97	6527
	キャンピロバクター	93	625
	大腸菌	98	5371
	ピロリ菌	50	1804
	インフルエンザ菌	31	6189
	肺炎桿菌	42	3287
グラム陽性桿菌	ウェルシュ菌	13	156
	コリネバクテリウム	59	3204

表6 腸球菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.868	0.781	0.828	0.201	0.348
v5m	0.832	0.847	0.850	0.191	0.353
v5l	0.837	0.850	0.856	0.211	0.356
v5x	0.884	0.829	0.856	0.197	0.354
v7	0.857	0.828	0.850	0.171	0.342
v7x	0.841	0.811	0.832	0.145	0.325
v8s	0.828	0.834	0.837	0.219	0.366
v8m	0.805	0.841	0.836	0.216	0.359
v8l	0.786	0.831	0.824	0.228	0.354
v8x	0.797	0.862	0.829	0.217	0.357

表7 黄色ブドウ球菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.908	0.900	0.930	0.363	0.459
v5m	0.901	0.921	0.937	0.386	0.469
v5l	0.900	0.923	0.938	0.412	0.481
v5x	0.904	0.917	0.936	0.406	0.480
v7	0.918	0.915	0.939	0.363	0.461
v7x	0.899	0.919	0.936	0.366	0.464
v8s	0.892	0.918	0.936	0.427	0.490
v8m	0.805	0.841	0.836	0.216	0.359
v8l	0.883	0.929	0.939	0.424	0.492
v8x	0.881	0.936	0.939	0.443	0.497

表8 肺炎球菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.637	0.648	0.647	0.452	0.387
v5m	0.651	0.639	0.648	0.444	0.381
v5l	0.660	0.634	0.661	0.451	0.390
v5x	0.682	0.597	0.636	0.431	0.373
v7	0.680	0.582	0.696	0.483	0.414
v7x	0.679	0.625	0.684	0.481	0.407
v8s	0.648	0.639	0.655	0.457	0.398
v8m	0.574	0.696	0.650	0.455	0.397
v8l	0.612	0.699	0.649	0.445	0.382
v8x	0.584	0.691	0.647	0.473	0.398

mAPに着目して菌ごとの結果を比較すると、肺炎桿菌、ウェルシュ菌、コリネバクテリウム、大腸菌はmAPが0.5を上回っていることから検出に成功したと言える。特に

表 9 B 群レンサ球菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.804	0.795	0.827	0.250	0.374
v5m	0.863	0.854	0.887	0.274	0.414
v5l	0.863	0.834	0.879	0.297	0.412
v5x	0.848	0.834	0.879	0.317	0.416
v7	0.846	0.841	0.880	0.270	0.405
v7x	0.804	0.850	0.877	0.283	0.395
v8s	0.840	0.829	0.832	0.322	0.404
v8m	0.845	0.794	0.849	0.318	0.411
v8l	0.856	0.818	0.872	0.320	0.418
v8x	0.847	0.849	0.860	0.344	0.423

表 13 大腸菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.855	0.868	0.905	0.666	0.570
v5m	0.864	0.885	0.904	0.677	0.579
v5l	0.846	0.880	0.898	0.673	0.577
v5x	0.871	0.873	0.909	0.692	0.583
v7	0.866	0.875	0.910	0.677	0.582
v7x	0.823	0.896	0.909	0.659	0.572
v8s	0.848	0.884	0.910	0.701	0.591
v8m	0.854	0.879	0.906	0.707	0.595
v8l	0.843	0.884	0.895	0.708	0.587
v8x	0.815	0.898	0.903	0.730	0.594

表 10 ブランハメラ・カタラーリス

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.812	0.545	0.691	0.220	0.316
v5m	0.792	0.681	0.739	0.259	0.345
v5l	0.785	0.705	0.757	0.266	0.357
v5x	0.782	0.665	0.741	0.268	0.349
v7	0.794	0.622	0.716	0.198	0.313
v7x	0.764	0.653	0.692	0.201	0.303
v8s	0.760	0.677	0.722	0.278	0.353
v8m	0.764	0.701	0.749	0.301	0.368
v8l	0.764	0.738	0.753	0.257	0.356
v8x	0.737	0.741	0.741	0.279	0.357

表 14 ヒロリ菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.743	0.609	0.724	0.450	0.419
v5m	0.717	0.692	0.765	0.502	0.443
v5l	0.707	0.709	0.746	0.485	0.435
v5x	0.761	0.660	0.753	0.470	0.431
v7	0.751	0.732	0.791	0.537	0.466
v7x	0.709	0.746	0.774	0.502	0.451
v8s	0.711	0.741	0.772	0.510	0.457
v8m	0.706	0.715	0.755	0.501	0.449
v8l	0.649	0.784	0.763	0.535	0.458
v8x	0.615	0.804	0.773	0.508	0.455

表 11 緑膿菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.752	0.608	0.674	0.386	0.373
v5m	0.741	0.640	0.685	0.407	0.384
v5l	0.736	0.659	0.689	0.400	0.384
v5x	0.727	0.659	0.690	0.412	0.389
v7	0.760	0.650	0.714	0.424	0.402
v7x	0.682	0.689	0.695	0.401	0.384
v8s	0.732	0.641	0.694	0.431	0.396
v8m	0.728	0.678	0.701	0.445	0.406
v8l	0.682	0.683	0.686	0.446	0.401
v8x	0.678	0.690	0.698	0.447	0.405

表 15 インフルエンザ菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.841	0.684	0.829	0.281	0.396
v5m	0.881	0.585	0.821	0.301	0.399
v5l	0.885	0.535	0.804	0.289	0.390
v5x	0.867	0.688	0.848	0.299	0.410
v7	0.848	0.752	0.867	0.321	0.424
v7x	0.797	0.800	0.857	0.319	0.416
v8s	0.873	0.605	0.826	0.314	0.406
v8m	0.874	0.486	0.776	0.283	0.381
v8l	0.851	0.597	0.807	0.296	0.391
v8x	0.789	0.684	0.799	0.295	0.395

表 12 キャンピロバクター

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.593	0.355	0.446	0.190	0.225
v5m	0.589	0.417	0.498	0.194	0.250
v5l	0.694	0.453	0.523	0.215	0.253
v5x	0.686	0.395	0.511	0.175	0.225
v7	0.780	0.395	0.531	0.238	0.271
v7x	0.703	0.395	0.469	0.187	0.241
v8s	0.685	0.407	0.537	0.237	0.274
v8m	0.618	0.470	0.558	0.219	0.286
v8l	0.616	0.442	0.524	0.200	0.275
v8x	0.642	0.522	0.536	0.232	0.288

表 16 肺炎桿菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.814	0.867	0.854	0.766	0.597
v5m	0.834	0.859	0.86	0.757	0.592
v5l	0.820	0.876	0.857	0.757	0.598
v5x	0.850	0.886	0.881	0.773	0.612
v7	0.847	0.874	0.868	0.771	0.606
v7x	0.763	0.903	0.867	0.768	0.603
v8s	0.808	0.865	0.848	0.761	0.599
v8m	0.801	0.879	0.864	0.772	0.608
v8l	0.821	0.883	0.860	0.769	0.609
v8x	0.796	0.891	0.869	0.763	0.608

表 17 ウェルシュ菌

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.568	0.903	0.787	0.606	0.532
v5m	0.422	0.935	0.842	0.546	0.504
v5l	0.510	0.871	0.820	0.713	0.580
v5x	0.588	0.935	0.802	0.615	0.543
v7	0.761	0.871	0.859	0.672	0.609
v7x	0.645	0.903	0.781	0.575	0.533
v8s	0.479	0.806	0.734	0.581	0.509
v8m	0.548	0.871	0.849	0.647	0.585
v8l	0.478	0.903	0.847	0.675	0.599
v8x	0.495	0.916	0.845	0.694	0.607

表 18 コリネバクテリウム

モデル	適合率	再現率	AP50	AP75	mAP
v5s	0.818	0.866	0.918	0.717	0.601
v5m	0.794	0.902	0.926	0.727	0.616
v5l	0.809	0.903	0.935	0.761	0.627
v5x	0.835	0.878	0.929	0.748	0.619
v7	0.873	0.903	0.952	0.769	0.632
v7x	0.826	0.919	0.948	0.781	0.636
v8s	0.819	0.908	0.934	0.791	0.645
v8m	0.819	0.924	0.943	0.791	0.651
v8l	0.819	0.917	0.942	0.785	0.651
v8x	0.815	0.934	0.945	0.805	0.658

表 19 最良の検出器

菌	モデル	適合率	再現率	mAP
腸球菌	v8s	0.828	0.834	0.366
黄色ブドウ球菌	v8x	0.881	0.936	0.497
肺炎球菌	v7	0.680	0.582	0.414
B 群レンサ球菌	v8x	0.847	0.849	0.423
ブランハメラ・カタラーリス	v8m	0.764	0.701	0.368
緑膿菌	v8m	0.728	0.678	0.406
キャンピロバクター	v8x	0.642	0.522	0.288
大腸菌	v8m	0.854	0.879	0.595
ピロリ菌	v7	0.751	0.732	0.466
インフルエンザ菌	v7	0.848	0.752	0.424
肺炎桿菌	v5x	0.850	0.886	0.612
ウェルシュ菌	v7	0.761	0.871	0.609
コリネバクテリウム	v8x	0.815	0.934	0.658

ウェルシュ菌は矩形数が 156 個と他菌種と比較しても少ないにもかかわらず、mAP が 0.5 を上回った。これは背景色に対して染色後の菌の色が異なることと、菌のサイズが大きいことが原因であると考えられる。

一方、黄色ブドウ球菌、肺炎球菌、B 群レンサ球菌、緑膿菌、ピロリ菌、インフルエンザ菌は mAP が 0.5 を下回っていることから十分な検出が行えなかった。特に、腸球菌、ブランハメラ・カタラーリス、キャンピロバクターは mAP が 0.4 を下回っていることから十分な検出が行えていない。このように AP が低い原因としてキャンピロバクターは表 5 から学習に用いる矩形数が不十分であることが考えられる。そのため今後、新しい画像の追加やデータ拡張によって矩形数を増加させることが課題である。また、腸球菌、ブランハメラ・カタラーリスが検出精度の低い理由を調査することも課題である。

表 19 は菌ごとの最も mAP が高い検出器を示したものである。表 19 から、それぞれ 4 菌種に対して最も高い mAP を示したことから YOLOv7, YOLOv8x が今回のデータに対する検出に適しているといえる。

4. まとめと今後の課題

本論文ではグラム染色画像から YOLOv5, YOLOv7, YOLOv8 を用いて 13 種の感染症起炎菌を検出した。その結果、肺炎桿菌、ウェルシュ菌、コリネバクテリウム、大腸菌は mAP が 0.5 を上回っていることから検出に成功したと言える。一方、腸球菌、ブランハメラ・カタラーリス、キャンピロバクターは mAP が 0.4 を下回っていることから十分に検出できなかったと言える。

今後の課題としてはまず、YOLO のモデルに対する改良が挙げられる。具体的には、構造の追加や畳み込みの際に用いられる活性化関数の変更などが挙げられる。また、矩形数の少ない菌に対してデータ拡張を施し、学習に十分な矩形数を確保することも必要となるが、菌検出に適したデータ拡張の考案も今後の課題である。また、YOLO 以外の検出器による検出の性能評価や菌検出に適した物体検出器の開発も今後の課題である。

参考文献

- [1] J. W. Bartholomew, T. Mittwer: The Gram Stain, *Bacteriol Rev.* 16, 1-29, 1952.
- [2] X. Ding, X. Zhang, N. Ma, J. Han, G. Ding, J. Sun: RepVGG: Making VGG-style ConvNets Great Again, *CVPR2021*, 13733-13742, 2021. <https://arxiv.org/abs/2101.03697>.
- [3] G. Jocher: YOLOv5, 2020. <https://github.com/ultralytics/yolov5>.
- [4] G. Jocher: YOLOv8, 2023. <https://github.com/ultralytics/ultralytics>.
- [5] U. Kashino, S. Terada, K. Hirata: Detecting Bacteria Causing Infectious Disease from Gram Stained Smears Images, *Proc. ESKM'23*, 13-18, 2023.

- [6] T. Y. Lin, M. Maire, S. Belongie, L. Bourdev, R. Girshick, J. Hays, P. Perona, D. Ramanan, C. L. Zitnick, P. Dollár: Microsoft COCO: Common Objects in Context, 2015. <https://arxiv.org/pdf/1405.0312.pdf>.
- [7] H. Sugimoto, K. Hirata: Object detection as Gram positive cocci in Gram stained smear images, Proc. ESKM'22, 134-137, 2022. <https://doi.org/10.1109/IIAIAAI55812.2022.00035>.
- [8] C. Y. Wang, A. Bochkovskiy, H. Y. M. Liao: YOLOv7: Trainable bag-of-freebies sets new state-of-the-art for real-time object detectors, 2022. <https://arxiv.org/abs/2207.02696>.