



人工智能在疟原虫检测中的应用研究

刘拓宇^{1†}, 李艳冰^{1†}, 张海东^{2†}, 刘芮存¹, 杨珊¹, 庄滢潭¹, 滕越^{1*}

1. 军事科学院军事医学研究院微生物流行病学研究所, 北京 100071;

2. 中国科学院自动化研究所, 北京 100190

† 同等贡献

* 联系人, E-mail: yueteng@me.com

收稿日期: 2022-03-15; 接受日期: 2022-12-12; 网络版发表日期: 2023-03-20

摘要 疟疾是由疟原虫引起的蚊媒传染性疾病, 具有分布广泛、传播迅速、潜伏期长等特点, 其直接关系到人类的健康、经济的发展以及社会的稳定. 疟疾的快速准确检测是降低疟疾的病死率和控制疟疾传播的关键. 目前已有研究利用深度学习算法实现对疟原虫的检测, 但开发疟疾临床诊断的人工智能系统仍然存在挑战. 本研究基于深度学习中的多尺度注意力机制, 构建了基于人工智能的疟疾诊断目标检测模型(artificial intelligence-based object detection model for malaria diagnosis, AIM). 同时, 本研究利用智能手机与光学显微镜收集薄血涂片图像, 创建了疟原虫薄血涂片图像数据集(SmartMalariaNET), 并用于AIM模型的训练与评估. 结果表明, AIM模型的Accuracy为94.49%, Precision为94.54%, Recall为94.49%, F1-score为94.50%, AUC (area under curve)为98.11%, 各项评价指标均优于现有的VGG和ResNet模型. 该人工智能的疟疾诊断目标检测模型有助于提高缺乏镜检人员地区的疟疾诊断能力, 为全球疟疾防控提供“中国技术”与“中国方案”.

关键词 人工智能, 疟原虫检测, 薄血图片, 特征提取, 多尺度注意力

疟疾(malaria)是由疟原虫引起的蚊媒传染性疾病, 具有分布广泛、传播迅速、潜伏期长等特点, 疟疾的发生及流行直接关系到人类的健康、经济的发展以及社会的稳定. 据《2020年世界疟疾报道》显示, 疟疾在赤道范围内的美洲、亚洲及非洲地区广泛存在^[1-3]. 患者感染疟疾后, 病情发展迅速可能危及生命, 准确及时的疟疾诊断是降低疟疾病死率和控制疟疾传播的关键. 目前疟疾诊断方法主要包括光学显微镜检查、聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)和快速诊断测试(rapid diagnostic tests, RDT)^[4-7]. 光学显微镜检查是通过化学试剂染色, 由专业技术人员利用显微

镜发现和识别疟原虫, 其在很大程度上依赖于病理专家和技术人员的专业知识技能, 具有镜检时间长、评判标准不清等问题; 基于PCR的检测方法具有快速、灵敏度高、特异性强等特点, 显著提高了疾病的诊断效率, 但需要特定的仪器设备和具有操作能力的专业人员, 无法满足现场实时检测的需求; RDT检测方法操作简易、检测时间迅速, 但灵敏度低. 这些问题使上述方法在疟疾高发地区, 无法实现快速、精准、及时的诊断.

随着人工智能技术的快速发展和在医学领域研究的深入, 计算机在医学领域发挥着越来越重要的作用.

引用格式: 刘拓宇, 李艳冰, 张海东, 等. 人工智能在疟原虫检测中的应用研究. 中国科学: 生命科学, 2023, 53: 876-884

Liu T Y, Li Y B, Zhang H D, et al. An artificial intelligence model for malaria diagnosis (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2023, 53: 876-884, doi: 10.1360/SSV-2022-0035

深度学习算法在基于图像的自动化诊断方面(如放射科、组织病理学、眼科和皮肤病学)已经展现出与人类专家相当的水平^[8,9]。基于人工智能技术的疟原虫诊断方法是利用图像采集模块捕捉光学显微镜下血细胞和疟原虫图像,通过使用计算机视觉技术,可降低光学显微镜人工检测疟疾的周期和对镜检专业技术人员的依赖,实现半自动或全自动的疟原虫检测。尽管已有研究利用深度学习算法对厚血涂片和薄血涂片进行疟原虫检测^[10~12],但开发疟疾临床诊断的人工智能系统仍然存在挑战。当前疟原虫检测研究中最常用的训练数据集是美国国家卫生研究院公开的疟疾数据集,其细胞数量少且形态单一,基于该数据集训练的模型不适用于智能手机拍摄的血涂片图像^[8,13,14];特征提取在检测疟原虫中起着重要作用,但由于血涂片图像分辨率、血细胞大小和图像颜色的差异,获取图像的视觉特征通常相对复杂,检测感染疟原虫的血细胞尤其困难;此外,血涂片图像同一区域中存在多个血细胞,导致细胞边界重叠与模糊,影响对血细胞中疟原虫的识别。

针对现有研究存在的问题,本研究通过构建智能手机拍摄的疟原虫薄血涂片图像数据集(SmartMalariaNET),研发了基于人工智能的疟疾诊断目标检测模型(AI-based object detection model for malaria diagnosis, AIM)。如图1A所示,该模型由特征提取器、局部特征调整器和多尺度注意模块三个部分组成,特征提取器使用多个卷积层提取多尺度特征,局部特征调整器利用高维度特征聚合低维度特征,多尺度注意模块进一步对提取的特征进行聚合,实现对血涂片图像中疟原虫的精准检测。AIM模型在SmartMalariaNET数据集上进行了训练和评估,并通过消融实验验证了局部特征调整器和多尺度注意模块的重要性。同时,本研究通过比较Accuracy, Recall, Precision, F1-score等评价指标,对比了AIM模型与其他深度学习模型(VGG和ResNet模型)的疟原虫检测能力。结果表明,本研究提出的疟疾诊断目标检测模型有助于提高缺乏疟疾镜检人员地区的疟疾诊断能力。

1 方法

1.1 数据来源

本研究使用华为Mate 20X、华为Mate 20Pro及

iPhone 11 Pro Max智能手机拍摄了2019年5月26日~2020年7月6日期间在塞拉利昂-中国友好医院和Rokupa政府医院治疗的120名患者薄血涂片的不同视角显微镜图像。每台智能手机的摄像头都固定在徕卡显微镜的目镜上,通过调整显微镜视野来识别血涂片的目标区域。通过显微镜的光学变焦实现图像聚焦与放大,并利用智能手机相机功能调整图像的白平衡和色彩平衡。本研究中图像均以100倍的放大倍数在红绿蓝(RGB)颜色空间中拍摄,分辨率为3640×2734或7296×5472像素。

1.2 数据预处理

每张图像的中心区域作为疟原虫的潜在位置,即目标区域。使用直方图阈值方法找到红细胞区域的边界像素,将红细胞从目标区域中进行提取。直方图阈值方法是将彩色图像转换为灰度图像,每个像素的灰度范围为0~255。其中,灰度值作为横坐标,灰度图像中每个灰度值的像素数作为纵坐标,并绘制直方图。在血涂片图像中,红细胞灰度值明显低于细胞间质灰度值,使直方图产生波动,基于此提取血涂片中细胞图,即子图像。子图像由三位专家进行手工标注,这些专家均具有丰富的疟疾显微镜临床诊断经验。分割后的子图像由红绿蓝3个通道(RGB)组成,将子图像的大小调整为64×64像素,以适应不同分类算法的输入要求。

1.3 AIM模型的网络结构

AIM模型由特征提取器(feature extractor)、局部特征调整器(local context aligner)和多尺度注意模块(multi-scale attention)三个部分组成,如图1A所示。其中,局部特征调整器由网格位置编码(grid-position encoding)和多头注意力机制(multi-head attention)组成,如图1B所示。

(1) 特征提取器

特征提取器具有卷积层和池化层交替的结构,可从图像中提取多尺度的特征。较高的维度是从较大感受域捕获全局特征,而较低的维度适合提取细粒度特征。在这里,通过5个神经网络模块级联生成5个不同尺度的特征,如式(1)所示,每个模块由两个或三个顺序连接的卷积层和一个池化层组成。

$$X = [X_1, X_2, X_3, X_4, X_5], \quad (1)$$

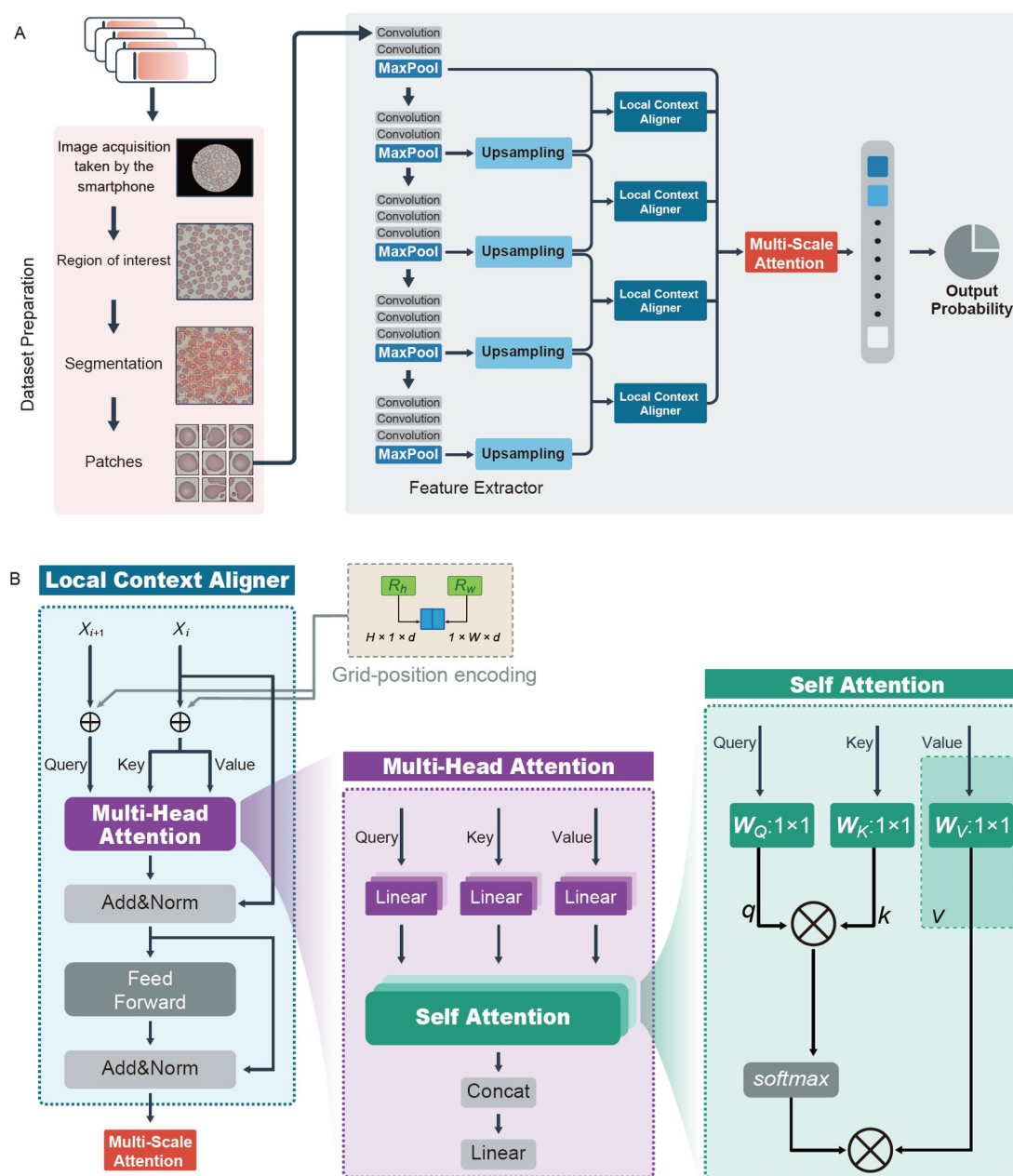


图 1 AIM模型的网络结构。A: 数据集预处理(dataset preparation)包含智能手机图像采集、目标区域确定和细胞分割三个部分。用于疟疾检测的AIM模型由特征提取器(feature extractor)、局部特征调整器(local context aligner)和多尺度注意模块(multi-scale attention)组成。B: 局部特征调整器通过网格位置编码(grid-position encoding)、多头注意力机制(multi-head attention)和自注意力机制(self attention), 对不同尺度的特征进行聚合

Figure 1 Method framework of the AIM model. A (Left): the dataset preparation process consists of image acquisition by a smartphone, capture of the region of interest, and cell image segmentation. A (Right): the AIM model consists of a feature extractor, a local context aligner, and a multi-scale attention module. B: The local context aligner is composed of a stack of $N = 2$ identical layers. Each layer has three sublayers. The first is a grid position encoding layer, the second is a multi-head attention layer, and the last is a self-attention layer

这些特征通过卷积层传递, 其中使用的感受域为: 3×3 (捕获左/右、上/下和中心特性的最小尺寸), 卷积步幅固定为1, 填充为1, 卷积层的输入经过卷积运算后仍保

留其空间特征; 池化层由5个最大池化层实现, 最大池化层的步幅为2, 矩阵大小为 2×2 。提取的多尺度特征具有不同大小, 从而无法探索相邻尺度之间的关系, 因此

需要使用上采样操作将特征的大小调整一致。

(2) 局部特征调整器

网格位置编码: 由于一个位置上的特征与相邻位置上的特征密切相关, 本研究使用自然语言中常用的正弦和余弦函数对信息进行编码。考虑到图像的空间特性, 通过结合像素的水平与垂直信息构造基于网格位置的编码。对于每个位置 (i, j) , 使用以下公式计算位置编码:

$$P_{i,j} = [P_i^{(H)}, P_j^{(V)}], \quad (2)$$

$$P_i^{(H)} = \begin{cases} \sin\left(0.5 * i / \left(10000^{\frac{i}{d}}\right)\right), & \text{if } i \text{ is even,} \\ \cos\left(0.5 * (i-1) / \left(10000^{\frac{i}{d}}\right)\right), & \text{if } i \text{ is odd,} \end{cases} \quad (3)$$

$$P_j^{(V)} = \begin{cases} \sin\left(0.5 * j / \left(10000^{\frac{j}{d}}\right)\right), & \text{if } j \text{ is even,} \\ \cos\left(0.5 * (j-1) / \left(10000^{\frac{j}{d}}\right)\right), & \text{if } j \text{ is odd.} \end{cases} \quad (4)$$

在式(3)和(4)中, $P_i^{(H)}$ 和 $P_j^{(V)}$ 分别表示水平和垂直位置编码; d 表示深度; i 和 j 代表图像中的位置。根据上面的公式, 每个维度的位置码对应一条曲线。将特征提取模块获得的不同维度的特征与网格位置编码相加, 得到一个新的变量, 如下所示:

$$\bar{X} = X + P. \quad (5)$$

多头注意力机制: 在局部特征调整器中, 多头注意力机制的输入由两个不同尺度的特征组成。低维度感受野的特征 $(\bar{X}_i)$ 通过映射得到键(K)和值(V), 高维度感受野的特征 $(\bar{X}_{i+1})$ 通过映射得到查询(Q)。如图1B所示, 使用不同的线性映射得到查询(Q)、键(K)和值(V), 维数分别为 d_q , d_k , 和 d_v 。之后, 通过自注意力机制(self attention)计算 d_{model} 维度的注意力得分, 并将这些特征串联进行映射以得到最终的值, 公式如下:

$$\text{MultiHead}(Q, K, V) = \text{Concat}(\text{head}_1, \dots, \text{head}_h)W^O,$$

$$\text{where head}_i = \text{SelfAttention}(QW_i^Q, KW_i^K, VW_i^V),$$

$$K = V = \bar{X}_i,$$

$$Q = \bar{X}_{i+1}, \quad (6)$$

其中, $W_i^Q \in R^{d_{\text{model}} \times d_q}$, $W_i^K \in R^{d_{\text{model}} \times d_k}$, $W_i^V \in R^{d_{\text{model}} \times d_v}$, 和 $W^O \in R^{hd_v \times d_{\text{model}}}$ 。

在模型中, $h=2$, 对于每个注意力头, $d_k = d_v = \frac{d_{\text{model}}}{h} = 64$ 。在多头注意力机制中, 使用了自注意力机制SelfAttention, 并且其输入由Q, K, V构成。各值的权重由下式求得:

$$\text{SelfAttention}(Q, K, V) = \text{softmax}\left(\frac{QK^T}{\sqrt{d_k}}\right)V. \quad (7)$$

(3) 多尺度注意模块

本研究开发了多尺度注意模块来加强特征识别, 并对提取的特征进行聚合, 具体公式如下:

$$Y = \text{MultiHead}(Q, K, V), \quad (8)$$

$$f(Y_i) = \tanh(W \cdot Y_i + B) \cdot U, \quad (9)$$

$$\text{Att}(Y_i) = \frac{\exp(f(Y_i))}{\sum_{j=1}^L \exp(f(Y_j))}, \quad (10)$$

其中, Y 表示局部特征调整器输出的特征, W 和 U 为训练参数, i 为不同尺度上的特征数量, $\text{Att}(Y_i)$ 为特征映射注意力权重。利用上面的公式, 计算出多尺度注意力权重 Att 。每个特征映射都有自己的权重值, 权重值随着输入图像的不同而变化。多尺度特征的权重值与其对应的特征利用数量积进行映射, 因此不同尺度的特征均使用并且被给予了不同的关注度。

1.4 评价指标

通过各种评价指标对薄血涂片图像中疟原虫检测性能进行了量化。利用受试者工作特征曲线(the receiver operating characteristic, ROC)分析模型的整体性能, 可以实现AIM模型精度的无偏估计。ROC曲线将真阳性率设为纵坐标, 假阳性率设为横坐标。AUC(area under curve)为ROC曲线下与坐标轴围成的面积, 通常被用作诊断准确性的整体衡量指标。AUC越接近1.0, 表示模型的真实性和越高; 当AUC值为0.5时, 代表模型趋于“随机预测”。此外, Recall, Precision, F1-score, 和Accuracy(ACC)也被用来评估分类模型的整体预测性能。由于数据集中正样本和负样本的数量具有差异, 因此我们将每个类别的指标与权重相乘, 得到评价模型的最后指标。

$$\text{Sensitivity or Recall} = \frac{TP}{TP+FN}, \tag{11}$$

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP+FP}, \tag{12}$$

$$\text{F1-score} = 2 * \frac{\text{Precision} * \text{Sensitivity}}{\text{Precision} + \text{Sensitivity}}, \tag{13}$$

$$\text{Accuracy} = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN}, \tag{14}$$

上式中, P和N分别表示正样本数和负样本数. 具体来说, TP为真阳性, FP为假阳性, TN为真阴性, FN为假阴性, 其混淆矩阵如表1所示.

2 结果

2.1 构建疟原虫薄血涂片图像数据集

自2019年起, 研究人员使用智能手机拍摄了来自于塞拉利昂-中国友好医院和Rokupa政府医院疟疾患者的薄血涂片显微镜图像, 创建了疟原虫薄血涂片图像数据集(SmartMalariaNET, <https://github.com/yue-teng/SmartMalariaNET>). 该数据集包括来自塞拉利昂120名患者的1296张薄血涂片图像. 从血涂片图像中识别出来的子图像共计8540张, 其中包括1930张含疟原虫的阳性图像和6610张无疟原虫的阴性图像. 此外, SmartMalariaNET包含了不同种类与不同阶段的疟原虫感染细胞图像, 包括恶性疟原虫、卵形疟

表 1 混淆矩阵

Table 1 Confusion matrix

Confusion Matrix		Actual	
		1	0
Predicted	1	TP	FP
	0	FN	TN

原虫、间日疟原虫感染细胞图像, 以及环状阶段、配子细胞、裂殖体和滋养体等疟原虫生命周期阶段图像. 图2显示了各种感染类型的示例图像: 恶性疟原虫(图2A)、间日疟原虫(图2D)和卵形疟原虫(图2E)的环状阶段; 恶性疟原虫的分裂体和配子细胞阶段(图2B, F)和卵形疟原虫(图2C, G); 卵形虫滋养体期(图2H).

2.2 AIM模型构建与测试

AIM模型的结构如图1A所示, 智能手机拍摄的血涂片图像作为模型的输入, 从图像中提取目标区域, 并在其中分割出细胞图即子图像, 之后将子图像导入AIM模型进行分类, 实现对疟原虫的精准检测. 首先, 在特征提取过程中, 利用卷积层和池化层提取多尺度特征, 并使用上采样操作将特征的大小调整一致; 其次, 将多尺度特征输入局部特征调整器, 实现高、低

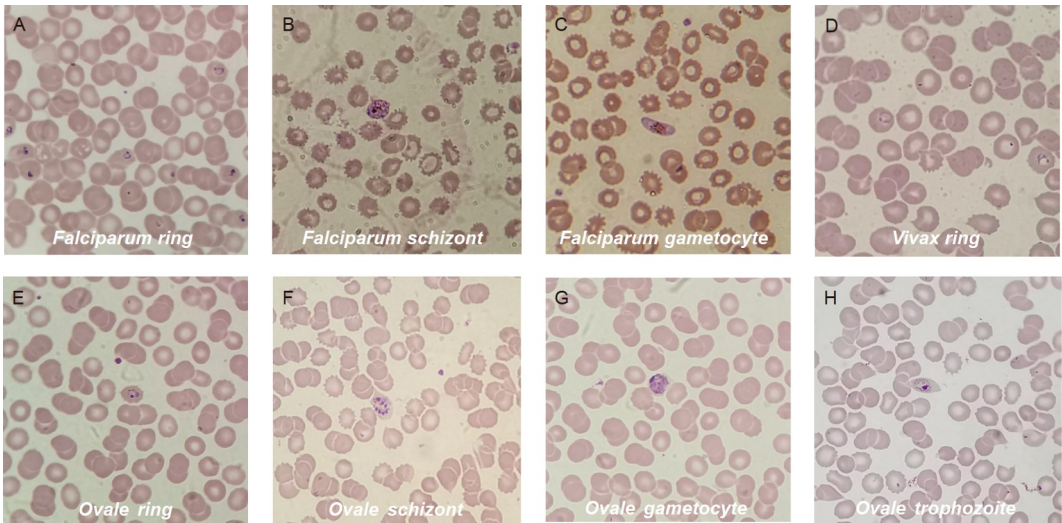


图 2 薄血涂片中不同类型与阶段的疟原虫图像. 恶性疟原虫(A)、间日疟原虫(D)和卵形疟原虫(E)的环状阶段;恶性疟原虫分裂体和配子细胞阶段(B和F)和卵形疟原虫(C和G);卵形虫滋养体期(H)

Figure 2 Different human malaria Plasmodium species in various life stages in thin blood smears: the ring-form stages of *P. falciparum* (A), *P. vivax* (D), and *P. ovale* (E); the schizont and gametocyte stages of *P. falciparum* (B and F) and *P. ovale* (C and G), and the trophozoite stage of *P. ovale* (H)

维度特征的集成; 再次, 多尺度注意模块对聚合后的特征赋予不同的权重; 最后, 利用sigmoid函数计算子图像中含有疟疾虫的概率。

本研究利用SmartMalariaNET数据集并通过5折交叉验证(5-fold cross validation)对AIM模型进行训练与测试。图3A和表2显示了AIM模型的ROC曲线分析结果, 其平均AUC值为98.11%±0.21%。此外, AIM模型其他评价指标Accuracy为94.49%±0.33%, Precision为94.54%±0.34%, Recall为94.49%±0.33%, F1-score为94.50%±0.33%, 表明AIM模型对疟原虫图像检测能力较强, 且具备一定的鲁棒性。

表 2 消融实验与模型对比结果

Table 2 Results of the ablation studies and model comparison in SmartMalariaNET

Models	Accuracy (%)	Precision (%)	Recall (%)	F1-Score (%)	AUC (%)
AIM	94.49	94.54	94.49	94.50	98.11
AIM without local context aligner	94.10	93.86	93.58	93.67	97.66
AIM without multi-scale attention	93.58	94.23	94.11	94.14	97.89
VGG	92.36	92.66	92.36	92.45	96.81
ResNet	91.65	91.70	91.65	91.67	96.31

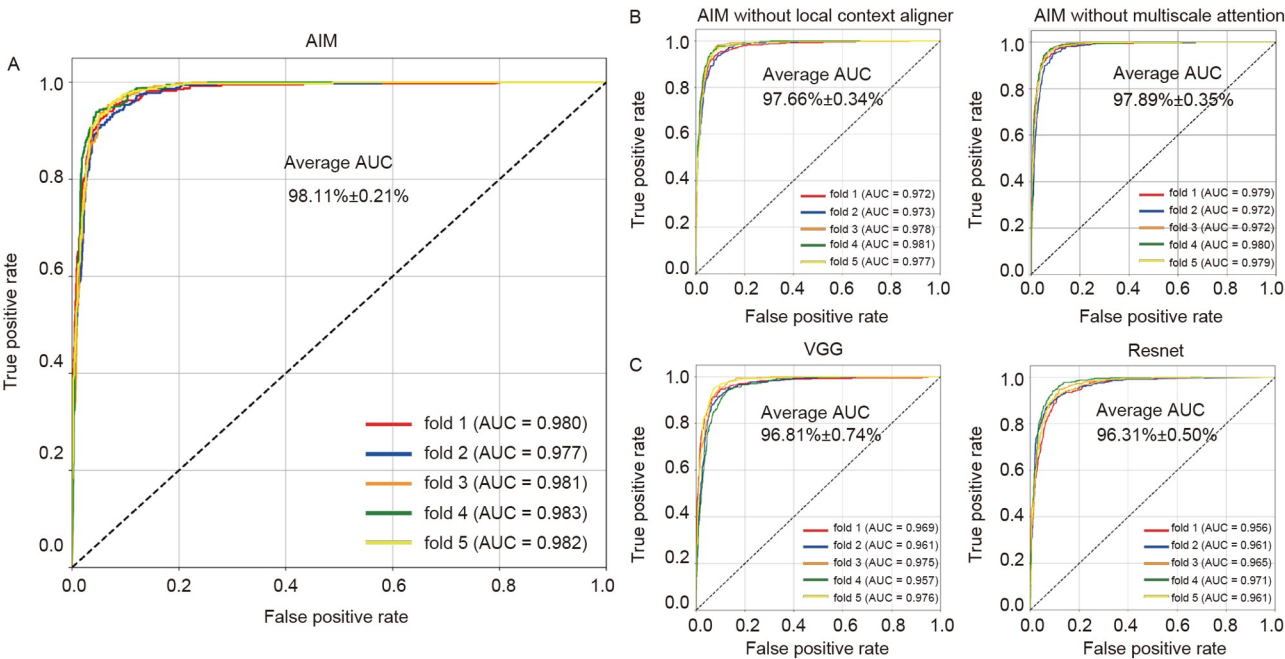


图 3 ROC曲线分析结果。A: AIM模型的ROC曲线; B: 消融实验的ROC曲线; C: 模型对比实验的ROC曲线

Figure 3 ROC analysis of AIM. A: ROC curves for AIM. B: ROC curves for the ablation studies. C: ROC curves for the model comparison

确性。

同时, 将AIM模型与常用图像分类模型VGG和ResNet进行了比较。AIM, VGG和ResNet模型的对比实验使用了相同的数据集和训练设置。如表2所示, VGG模型的平均准确度为92.36%, ResNet模型的平均准确度为91.65%, 均低于AIM模型的平均准确度(94.49%)。此外, AIM在评价指标Recall, Precision, F1-score, AUC上也优于其他两种模型(表2和图3C)。结果表明, 在疟原虫图像检测方面, 具有局部特征调整器和多尺度注意力的AIM模型具有较大应用潜力。

3 讨论

疟疾是严重危害人类健康的全球性蚊媒传染病, 其早期诊断对减少疟疾传播与降低死亡率都至关重要。2019年全球约有40.9万人死于疟疾, 其中非洲地区的疟疾疫情最为严重, 占有所有疟疾死亡人数的90%以上。此外, 中国援外维和部队常部署于非洲等疟疾传播的高风险地区, 存在较大感染风险, 长期受到疟疾的严重危害。因此, 开发适用于非洲等资源贫乏地区的疟疾诊断方法尤为重要。目前, 尽管已有利用深度学习模型基于血涂片图像进行疟疾检测的相关研究, 但现有的疟原虫图像数据集在数量和质量上均无法满足人工智能模型训练和评估的需求^[8,13,14]。本研究通过在西非塞拉利昂使用智能手机拍摄薄血涂片, 创建了疟原虫薄血涂片图像数据集(SmartMalariaNET), 其包含1296张薄血涂片图像及8540张红细胞图像, 用于本研究AIM模型的训练与评估。

本研究提出了一种用于疟疾快速诊断的人工智能

模型AIM, 通过结合局部特征调整器和多尺度注意力模块, 将多尺度特征进行关联, 并在SmartMalariaNET数据集上进行训练与测试。实验结果表明, AIM模型在疟原虫的Accuracy为94.49%, Precision为94.54%, Recall为94.49%, F1-score为94.50%, AUC为98.11%, 均优于现有的VGG模型(92.36%, 92.66%, 92.36%, 92.45%, 96.81%)和ResNet模型(91.65%, 91.70%, 91.65%, 91.67%, 96.31%)。基于AIM模型的人工智能辅助疟疾诊断方案可实现自动、快速、准确地疟原虫检测, 解决了传统疟疾诊断方法成本高、时间长、现场使用不便、对专业技术人员依赖等问题, 具有广阔的应用前景。

然而, 本研究也存在局限性。模型训练和评估所使用的数据集是从有限数量患者中收集血涂片创建的, 因此模型泛化性可能有限。可通过从不同国家和临床环境收集的样本以扩增数据集, 从而提升模型的泛化性^[11,15]。此外, 本研究使用了直方图阈值方法实现血涂片图像中红细胞进行分割, 这种方法受图像颜色影像严重, 无法识别重叠细胞且无法检测到血涂片边缘区域的红细胞。可利用YOLO等目标检测模型构建红细胞分割网络模型, 实现对不同来源血涂片图像的精准分割。本研究通过构建疟原虫薄血涂片图像数据集, 研发了基于人工智能的疟疾诊断目标检测模型, 证明了AIM模型在疟疾临床诊断中的应用前景, 有助于提高缺乏疟疾镜检人员地区的疟疾诊断能力^[16-18]。在接下来的研究中, 将进一步扩充疟原虫薄血涂片图像数据集, 提升模型的泛化性、鲁棒性和精准度, 打造智能手机一体化的疟疾诊断平台, 实现及时、精准的疟疾诊断^[19-21]。

参考文献

- 1 Ashley E A, Pyae Phyo A, Woodrow C J. Malaria. *Lancet*, 2018, 391: 1608-1621
- 2 Feachem R G A, Chen I, Akbari O, et al. Malaria eradication within a generation: ambitious, achievable, and necessary. *Lancet*, 2019, 394: 1056-1112
- 3 Ghebreyesus T A. The malaria eradication challenge. *Lancet*, 2019, 394: 990-991
- 4 Wernsdorfer W H, Muth S, Wongsrichanalai C, et al. A review of malaria diagnostic tools: microscopy and rapid diagnostic test (RDT). *Am J Tropical Med Hyg*, 2007, 77: 119-127
- 5 Saito T, Kikuchi A, Kaneko A, et al. Rapid and sensitive multiplex single-tube nested PCR for the identification of five human *Plasmodium* species. *Parasitol Int*, 2018, 67: 277-283
- 6 Mogeni P, Williams T N, Omedo I, et al. Detecting malaria hotspots: a comparison of rapid diagnostic test, microscopy, and polymerase chain reaction. *J Infect Dis*, 2017, 216: 1091-1098

- 7 Ranasinghe S, Ansumana R, Lamin J M, et al. Attitudes toward home-based malaria testing in rural and urban Sierra Leone. [Malar J](#), 2015, 14: 80
- 8 Poostchi M, Silamut K, Maude R J, et al. Image analysis and machine learning for detecting malaria. [Transl Res](#), 2018, 194: 36–55
- 9 Bellemo V, Lim Z W, Lim G, et al. Artificial intelligence using deep learning to screen for referable and vision-threatening diabetic retinopathy in Africa: a clinical validation study. [Lancet Digital Health](#), 2019, 1: e35–e44
- 10 Molina A, Alf  rez S, Bold   L, et al. Sequential classification system for recognition of malaria infection using peripheral blood cell images. [J Clin Pathol](#), 2020, 73: 665–670
- 11 Rajaraman S, Jaeger S, Antani S K. Performance evaluation of deep neural ensembles toward malaria parasite detection in thin-blood smear images. [PeerJ](#), 2019, 7: e6977
- 12 Kuo P C, Cheng H Y, Chen P F, et al. Assessment of expert-level automated detection of *Plasmodium falciparum* in digitized thin blood smear images. [JAMA Netw Open](#), 2020, 3: e200206
- 13 Saeed M A, Jabbar A. “Smart Diagnosis” of parasitic diseases by use of smartphones. [J Clin Microbiol](#), 2018, 56
- 14 Vijayalakshmi A, Rajesh KB. Deep learning approach to detect malaria from microscopic images. [Multimed Tools Appl](#), 2020, 79: 15297–15317
- 15 Rajaraman S, Antani S K, Poostchi M, et al. Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors toward improved malaria parasite detection in thin blood smear images. [PeerJ](#), 2018, 6: e4568
- 16 Yang F, Poostchi M, Yu H, et al. Deep learning for smartphone-based malaria parasite detection in thick blood smears. [IEEE J Biomed Health Inform](#), 2020, 24: 1427–1438
- 17 Scherr T F, Gupta S, Wright D W, et al. Mobile phone imaging and cloud-based analysis for standardized malaria detection and reporting. [Sci Rep](#), 2016, 6: 28645
- 18 Pirnstill C W, Cot   G L. Malaria diagnosis using a mobile phone polarized microscope. [Sci Rep](#), 2015, 5: 13368
- 19 Vinkeles M N V S, Coffeng L E, de Vlas S J, et al. Standardisation of lymphatic filariasis microfilaraemia prevalence estimates based on different diagnostic methods: a systematic review and meta-analysis. [Parasites Vectors](#), 2020, 13: 302
- 20 B  scher P, Gonzatti M I, H  bert L, et al. Equine trypanosomosis: enigmas and diagnostic challenges. [Parasites Vectors](#), 2019, 12: 234
- 21 Sanchez E, Vannier E, Wormser G P, et al. Diagnosis, treatment, and prevention of lyme disease, human granulocytic anaplasmosis, and babesiosis. [JAMA](#), 2016, 315: 1767

An artificial intelligence model for malaria diagnosis

LIU TuoYu^{1†}, LI YanBing^{1†}, ZHANG HaiDong^{2†}, LIU RuiCun¹, YANG Shan¹,
ZHUANG YingTan¹ & TENG Yue^{1*}

1 State Key Laboratory of Pathogen and Biosecurity, Beijing Institute of Microbiology and Epidemiology, Beijing 100071, China

2 Institute of Automation, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China

Malaria is a mosquito-borne disease caused by Plasmodium, which has a high mortality rate. Rapid and accurate detection of malaria is the key to reducing malaria mortality and controlling its transmission. Several deep learning algorithms have previously been applied to malaria blood smears for diagnosis using features extracted from microscopic images. Here, we propose a novel artificial intelligence (AI)-based object detection model for malaria diagnosis (AIM) using multi-scale attention approaches. An annotated dataset (SmartMalariaNET) was created consisting of thin smear images acquired by smartphone cameras, which is used to train and assess the AIM. The results show that the effectiveness of our model in distinguishing positive and negative images is evident in the values of the performance metrics, namely Accuracy, Precision, Recall, F1-score, and AUC (area under curve), calculated as 94.49%, 94.54%, 94.49%, 94.50%, and 98.11%, respectively. AIM is superior to the existing deep learning models in all evaluation indicators. Our model shows clinically acceptable performance in detecting malaria parasites and could aid in malaria diagnosis in resource-limited regions, especially in areas lacking experienced parasitologists and equipment.

artificial intelligence, malaria diagnosis, thin blood images, feature extraction, multi-scale attention

doi: [10.1360/SSV-2022-0035](https://doi.org/10.1360/SSV-2022-0035)