



基于卷积神经网络的侵入性酿酒酵母感染疾病的检测方法

李帅¹, 杜旻杲¹, 刘飞¹, 李恭新^{1,2*}

1. 江南大学物联网工程学院, 轻工过程先进控制教育部重点实验室, 无锡 214122;

2. 中国科学院沈阳自动化研究所, 机器人学国家重点实验室, 沈阳 110016

* 联系人, E-mail: gxli@jiangnan.edu.cn

收稿日期: 2021-11-09; 接受日期: 2022-05-05; 网络版发表日期: 2022-10-10

国家自然科学基金(批准号: 61903157和61833007)和机器人学国家重点实验室联合开放基金(批准号: 2021-KF-22-04)资助

摘要 酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*)是常用于烘焙和酿造行业的发酵菌种, 也作为益生菌用于预防和治疗各种腹泻及其相关疾病. 然而, 近二十年来, 由于摄入酿酒酵母产生的侵入性酿酒酵母感染的病例一直在不断增加, 特别是在老年人、免疫功能低下和危重患者群体中. 此外, 目前临床上所用酿酒酵母侵入性感染疾病的诊断方法耗时较长, 而容易错过最佳的诊断时间和难以实现早期预防. 本文提出了一种基于卷积神经网络的目标检测的方法用于对血液中的酿酒酵母细胞进行检测和识别, 以达到侵入性酿酒酵母疾病诊断的目的. 该方法是基于以ResNet-50网络结构作为特征提取网络构建的SSD算法. 以实际采集的血液和酿酒酵母细胞混合液的样本图像作为算法的训练和测试数据, 实验结果表明该方法的识别准确率可达到97.70%, 检测时间为0.31 s. 并且通过与相似的其他3种卷积神经网络算法的测试对比, 结果表明该算法识别准确率也有着明显的优势. 该论文通过实验验证了, 基于卷积神经网络的目标检测方法有望作为侵入性酿酒酵母感染疾病检测和诊断的一种新方法; 且该方法检测准确率高和时间短的优势有望实现侵入性酿酒酵母感染疾病的早期预防和及时诊断.

关键词 侵入性酿酒酵母感染, 卷积神经网络, ResNet-50, SSD算法, 目标检测

酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*), 又称面包酵母或者出芽酵母, 与同为真核生物的动物和植物细胞具有很多相同的结构, 且易于培养, 是真菌界非常重要的单细胞微生物. 酿酒酵母也是与人类关系最广泛的一种真菌, 几千年来, 被广泛应用于面包和馒头等食品及酿酒制作中^[1]. 此外, 酿酒酵母也被认为是人类正常肠道菌群的一部分, 并作为益生菌生物治疗剂被用于预防和治疗与抗生素相关的腹泻等疾病^[2,3]. 酿酒

酵母通常被认为是一种安全的非致病性微生物, 常定植于皮肤、阴道黏膜、消化道和呼吸道^[4,5]. 然而, 在过去的二十年里, 侵入性酿酒酵母感染疾病的病例却在不断地增加, 特别是在老年人、危重患者等免疫功能低下的患者群体中^[6]. 例如, 服用酵母菌制剂后导致原因不明的发烧、肺炎、真菌血症、肝脓肿、腹膜炎、阴道炎、尿路感染或感染性休克等^[6]. 因此, 酿酒酵母又被认为是一种新兴的机会性病原体, 与多种感

引用格式: 李帅, 杜旻杲, 刘飞, 等. 基于卷积神经网络的侵入性酿酒酵母感染疾病的检测方法. 中国科学: 生命科学, 2023, 53: 408–416
Li S, Du M G, Liu F, et al. Detection of invasive *Saccharomyces cerevisiae* infections based on convolutional neural network (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2023, 53: 408–416, doi: [10.1360/SSV-2021-0408](https://doi.org/10.1360/SSV-2021-0408)

染有关, 如抗生素相关性腹泻、成人急性腹泻、HIV 相关性腹泻、泌尿生殖系统感染、食管炎、肺炎、肝脓肿或腹膜炎感染^[2,7-12]。此外, 中心静脉导管、抗生素使用、ICU 入院和免疫抑制等易感因素也促进了酿酒酵母菌的侵入性感染^[11]。临床上, 要对酿酒酵母侵入性感染进行初步诊断和治疗, 首先要对患者血液中的酿酒酵母菌进行检测和纯化。因为, 酿酒酵母引起真菌感染的先决条件是摄入的酿酒酵母在免疫低下患者中穿过免疫屏障进入血液循环系统传播并侵入感染部位^[13-15]。常用的病原菌检测和筛选方法有基于聚合酶链反应(polymerase chain reaction, PCR)的方法、DNA 微阵列、DNA 测序技术、酶联免疫吸附试验、分离和细胞培养^[16]。然而, 这些方法需要对可疑样本进行广泛的筛选与处理, 如细胞裂解、DNA 提取、扩增和纯化, 以进行病原体检测^[16]。因此, 整个操作过程不仅繁琐耗时, 需要昂贵的高精度仪器, 而且在操作过程中还有可能污染测试样品。因此, 建立一种新的酿酒酵母快速检测方法对及时发现和早期预防侵入性酿酒酵母感染疾病具有重要意义。

基于卷积神经网络(convolutional neural network, CNN)的目标检测方法是一种新兴的疾病检测技术, 能够通过采集的细胞或病变组织的图像信息快速检测和诊断特定疾病, 并且诊断和检测的速度快、准确性高。已有大量文献报道了用目标检测和卷积神经网络来实现宫颈细胞和血细胞等多种疾病的检测^[17,18]。例如, Jia 等人^[17]使用 SSD(single shot multibox detector)算法用于对宫颈细胞的检测识别, 以实现宫颈癌的早期筛查; Zhang 等人^[19]利用 Faster R-CNN(faster region-CNN)算法对粪便样本中的成分进行检测, 用于预防和诊断消化系统疾病。卷积神经网络在目标检测中具有非常重要的作用, 用于实现检测目标的特征提取, 是目标检测算法的主干。自 2012 年 ImageNet 竞赛以来, 卷积神经网络在目标分类和检测领域获得了快速发展和广泛应用^[20-24]。与传统机器学习通过手动提取特征不同, 卷积神经网络的特征是通过学习构建的, 因此更具通用性和可扩展性, 从而能在实际应用中获得更好的性能。Girshick 等人^[20]的一项开创性工作提出了一种 R-CNN(Region-CNN)目标检测算法, 将候选区域(region proposal)与卷积神经网络相结合, 用于目标检测和分类。为了进一步地提升 R-CNN 的检测精度和速度, Girshick^[21]和 Ren 等人^[22]对 R-CNN 算法进行改进, 相继提

出了 Fast R-CNN 算法和 Faster R-CNN 算法。然而, 尽管 R-CNN 系列算法的准确率较高, 但是对于实际应用来说, R-CNN 系列算法仍然存在计算复杂度太高和速度较慢等问题。为了克服这些问题, Redmon 等人^[23]提出了一种新的 YOLO(you only look once)算法直接预测目标检测框, 该系统比 R-CNN 算法简单、快速, 且具有较高的精度。Liu 等人^[24]进一步提出了一种 SSD 方法, 该方法省去了候选区域生成和之后的重采样阶段, 比 YOLO 算法能够获得更高的精度和速度。

在本文中, 通过将卷积神经网络的检测方法引入到侵入性酿酒酵母感染疾病的检测当中, 提出了一种基于 ResNet-50(residual network)卷积神经网络的 SSD 算法作为侵入性酿酒酵母感染疾病检测的新方法。该 SSD 算法以 ResNet-50 作为主干特征提取网络, 以酿酒酵母细胞和血液混合液的显微镜图像作为训练样本, 用该方法对血液中的酿酒酵母细胞进行检验。结果表明检测的平均精度(average precision, AP)能够达到 97.70%, 并与其他三种类似的检测算法结果比较分析发现, 本方法的 AP 值最高。本文表明该方法能够对血液中的酿酒酵母进行准确识别, 为及时发现和早期预防侵入性酿酒酵母感染检测提供一种新的方法, 同时也为病原性真菌如念珠菌(*Candidia*)、隐球菌(*Cryptococcus*)等感染疾病的检测提供了一种新的思路和方法。

1 材料与方法

1.1 样本制备

酿酒酵母细胞样本的制备方法如下: 首先, 将 95 g 去离子水加入烧杯中, 并在水浴加热箱中预热至 30℃; 然后, 将 5 g 蔗糖(0.2 mol/L, 中国国药化学试剂有限公司)和 1 g 干酿酒酵母加入烧杯中, 并用玻璃棒轻轻搅匀; 最后, 将烧杯放置在 30℃ 的水浴加热箱中继续孵育 0.5 h, 酿酒酵母完全活化后备用, 并使用细胞计数板对酿酒酵母溶液计数, 浓度约为 7.3×10^7 个细胞/mL。

血液样本来源于志愿者捐献, 收集在抗凝血管中, 并保存在 4℃ 冰箱中。将适量的血液样本滴入 1 mL 离心管中, 并在高速离心机中以 1000 r/min 的速度离心 5 min, 然后, 移除上层清液, 并重新加入 1 mL 等渗溶液后备用。

将 1 mL 酿酒酵母溶液中加入 1 mL 血液样本, 混合

液放置在4℃冰箱备用. 采集图像前将混合后的溶液超声处理5 min, 使细胞均匀分布在溶液中.

1.2 图像获取

在载玻片上滴加10 μL 的细胞混合液样本, 盖上盖玻片压片后制成样本, 并放置在显微镜(Nikon ECLIPSE Ti2, 400倍放大)载物台上. 移动载物台, 随机采集500张样本图像, 图像分辨率大小为2454 $\times$ 1632. 对每张图像中的酿酒酵母进行人工标注, 并记录了每个酿酒酵母的位置和大小.

1.3 构建网络结构

基于卷积神经网络的目标检测算法主要有两大类. 一类是两阶段目标检测算法, 例如Faster R-CNN^[22]. 该类算法第一阶段利用区域生成网络生成候选区域, 第二阶段通过生成的候选区域进行目标分类和边界框回归. 尽管这样的模型检测速度通常较慢, 但却能达到较高的识别准确率. 另一类是一阶段目标检测算法, 例如YOLO算法^[23]和SSD算法^[24]. 与两阶段算法相比, 该类算法利用卷积神经网络提取的特征直接对目标进行分类和边界框回归, 将目标检测视为一个简单的回归问题. 虽然这些模型比两阶段目标检测算法达到的准确率略低, 但是极大提高了目标的检测速度.

本文采用了一阶段目标检测算法的SSD算法, 具体的网络总体结构如图1所示. 对于每个输入图像, 都会被缩放到300 $\times$ 300大小, 然后对输入图像应用一系列前馈卷积层. 网络的底部特征提取结构(Block1到Block4)基于ResNet-50的方法, 这是一个由4个残差网络块组成的50层网络, 由卷积层、池化层和激活层等

一系列网络结构组成. 图片经过特征提取层提取特征并生成特征图(feature map), 抽取其中6个特征图, 然后在特征图的每个点上生成默认框(default box), 然后对特征图上的框进行类别识别和边界框回归. 该模型与文献^[24]中所描述的模型的主要区别在于主干特征提取网络. 具体来说, 用ResNet-50模型替换了VGG模型, 使用了ResNet-50中conv1到conv4_x的结构, 其他结构都舍弃掉, 并且conv4_x中所有步长均被调整为1, 详见图2. 特征提取层后面连接着5个额外卷积层, 这5个额外卷积层的详细结构如图2所示, 它们与文献^[24]的结构相似, 但在每次卷积后都添加了一个BN(batch normalization)层来加强. 在卷积层后连接了6个检测头, 第一个检测头连接在conv4_x的最后一层, 其他5个检测头连接在相应的5个额外卷积层.

用于生成可能的目标位置的两种常用方法是滑动窗口和候选区域. 然而, 滑动窗口方法在训练和预测方面存在极高的计算代价. 当窗口长宽比和大小选择较多时, 计算将变得非常繁琐. 相比之下, 候选区域检测效果更好, 但计算成本仍然很高^[22,25]. 为了解决这个问题, SSD模型采用了默认框^[24], 这在很大程度上权衡了检测速度和检测精度. 在6个特征图上生成default box后, 再对它们分别用两个不同的3 $\times$ 3的卷积核进行卷积, 1个输出分类用的confidence, 每个default box生成2个类别confidence, 这2个类别分别为背景和酿酒酵母; 1个输出回归用的localization, 每个default box生成4个坐标值(x, y, w, h).

1.4 实验装置

本文中所有的实验都是基于python和Pytorch进行

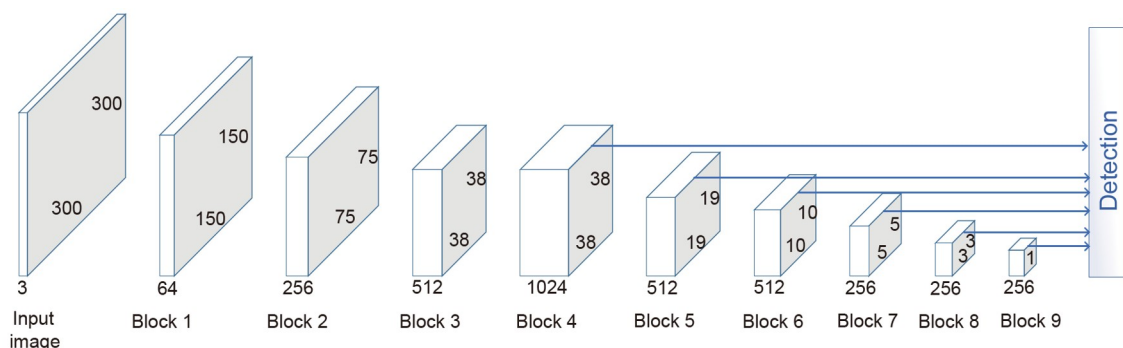


图1 单步多框目标检测算的网络结构

Figure 1 Network structure of single shot multiboxes detector

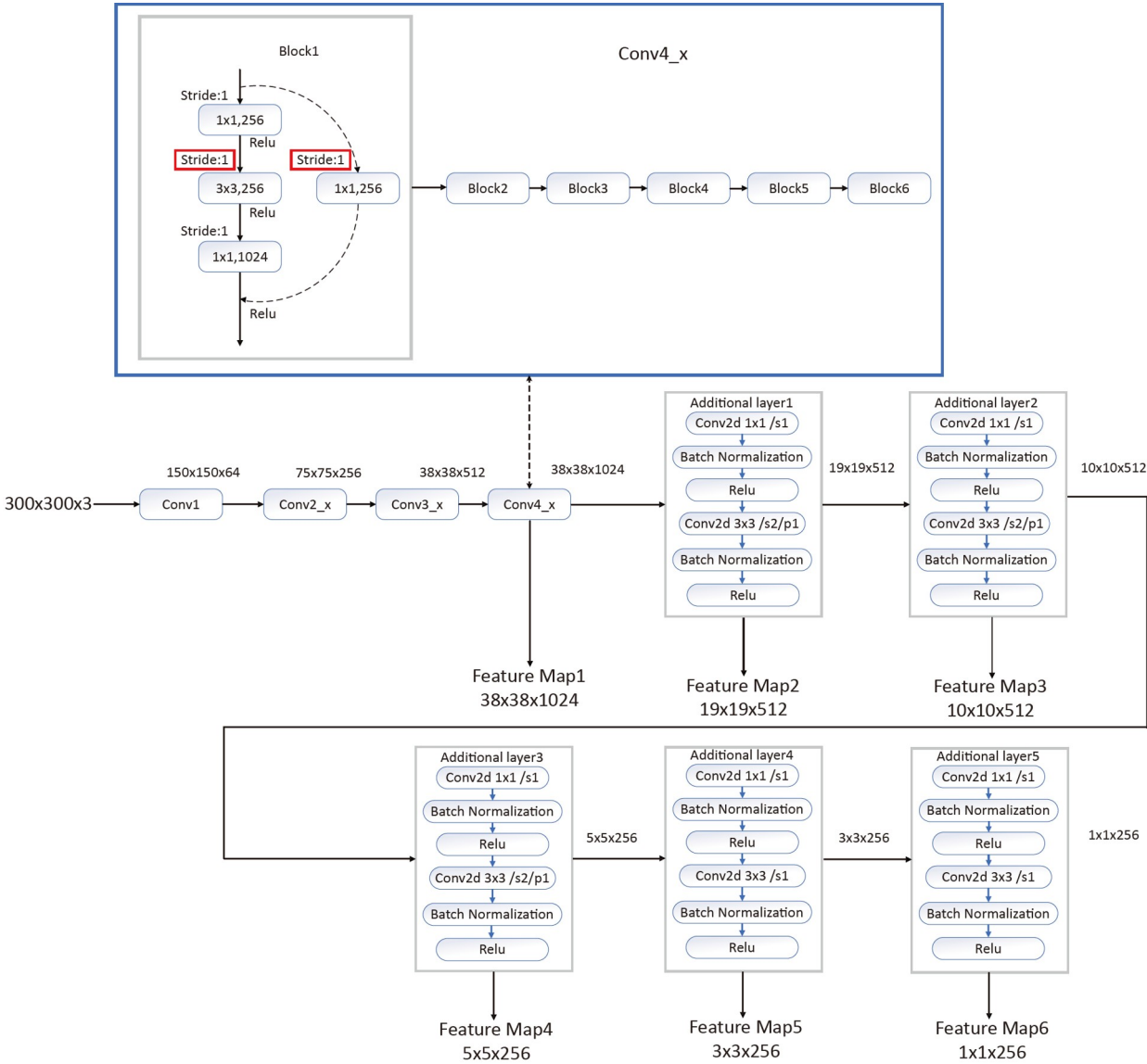


图 2 用于预测酿酒酵母位置的6个特征图
Figure 2 Six feature maps for the prediction of *Saccharomyces cerevisiae* cell location

的, Pytorch提供了构建深度学习模型主体结构的库. 实验在Windows系统上进行, 8 GB RAM, Intel® Core™ i5-9500@3.00 GHz CPU, 无GPU. 表1显示了实验装置信息. 使用AP对所用方法进行了评估. 此外, 模型使用的训练算法为随机梯度下降法(stochastic gradient descend, SGD), momentum设置为0.9, weight decay为0.0005. 对该模型训练了30个epoch, 使用学习率衰减方法, 每10个epoch将学习率减少为原来的0.3倍, 初始学习率为0.0005, batch size设置为4.

表 1 实验工具和设置
Table 1 Implementing tools and settings

参数	类型
编程语言	Python
库和封装类	Pytorch
CPU	Intel® Core™ i5-9500@3.00 GHz
RAM	8 GB
训练算法	SGD

2 结果与分析

本实验中,共采集了500张混合溶液样本图片数据集,并对图片中的酿酒酵母细胞进行人工标注.为减少过拟合,还通过随机裁剪、随机水平翻转以及随机颜色调整等方法来进行数据增强.图3是所采集样本图片中标记出来的一些示例,是样本中的主要目标对象.其中,图3A和B是酿酒酵母,图3C和D是红细胞,图3E~H是血液中的其他细胞和杂质.

数据集按8:1:1的比例划分为训练集、验证集和测试集,即80%的数据用于训练,10%的数据用于验证,10%的数据用于评估模型.此外,由于采集的图片数量较少,为提升模型的训练效果,将迁移学习的方法应用在本文的SSD模型上,使用了在MS-COCO数据集^[26]上的预训练模型.

训练结束后,对网络进行了测试,随机选取部分测试结果如图4所示.识别出的酿酒酵母细胞用绿色方框标识,置信度用百分比标记.图4表明图中的酿酒酵母细胞都被准确识别出来了,没有漏检和错检的情况.

细胞样本中不可避免地会出现多个细胞粘连在一起的情况,即使在采集图片前进行了超声处理也依然会出现这种情况.因此,在本部分的实验中,用该方法针对有粘连在一起的细胞图像进行测试,如图5所示.图像中靠近左下角的位置有1个酿酒酵母细胞与其他杂质细胞粘连在一起,但是结果表明本文的方法依然能够识别出其中的酿酒酵母细胞,置信度也达到68%.这也说明该方法能

够很大程度上避免由于细胞粘连在一起导致的识别误差.

为进一步定量分析本文方法在酿酒酵母识别的效用,使用了AP和算法运行时间对所使用方法的识别准确性和速度进行评估.实验运行结果表明,对该样本测试的AP值为97.70%,运行时间为0.31 s.

此外,针对相同的数据集,分别用SSD-VGG16, YOLOv3, YOLOv3-SPP以及YOLOv5s模型对酿酒酵母细胞进行检测.选取了部分图片对5种算法的检测结果进行分析,如图6所示.图6A~D是本文算法的检测结果,图6E~H分别是基于SSD-VGG16, YOLOv3, YOLOv3-SPP和YOLOv5s算法测试的结果,其中A和E, B和F, C和G, D和H分别为相同的测试图像.从图中可以看出对于相同的测试图片SSD-VGG16和YOLOv3对部分酿酒酵母细胞存在漏检的情况,且YOLOv3无法识别粘连细胞,而YOLOv3-SPP和YOLOv5s则错误地把血液中其他细胞识别成了酿酒酵母.

将本文方法与SSD-VGG16, YOLOv3, YOLOv3-SPP以及YOLOv5s模型测试结果进行比较,使用相同的训练集和测试集对这4种模型进行训练和评估,5种不同模型之间AP和检测每张图片所需时间的比较结果如表2所示,所有实验中IoU均为0.5.结果表明,本文方法的AP(97.70%)高于SSD-VGG16, YOLOv3以及YOLOv3-SPP,略低于YOLOv5s(98.00%);此外,检测每幅图像所需时间(0.31 s)明显短于YOLOv3和YO-

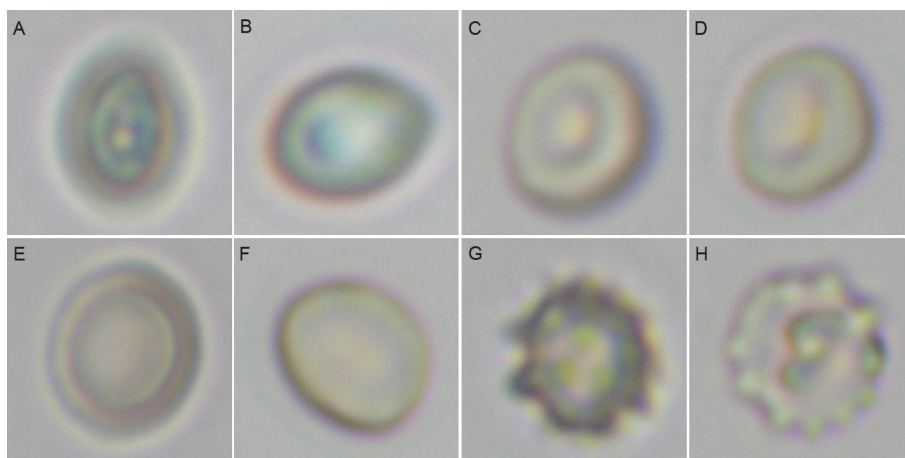


图3 样本中的目标对象. A和B: 酿酒酵母细胞; C和D: 红细胞; E~H: 其他细胞和杂质(网络版彩图)

Figure 3 Sample objects. A and B: *Saccharomyces cerevisiae* cells; C and D: red blood cells; E~H: other cells and impurities (Color Online)

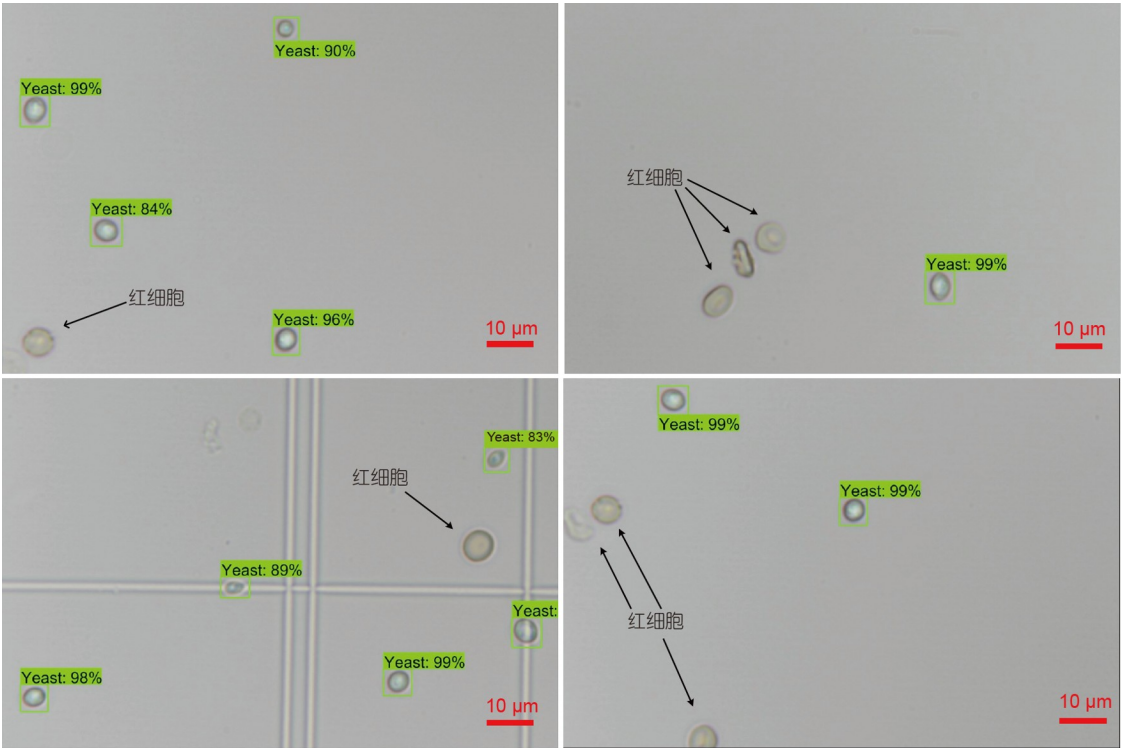


图 4 随机选取的4个测试结果(网络版彩图)
Figure 4 Test results of four randomly selected data points (Color Online)



图 5 粘连细胞检测结果(网络版彩图)
Figure 5 Detection result for adhesion cells (Color online)

LOv3-SPP, 与SSD-VGG16相比无显著差异, 高于YOLOv5s的检测时间. 虽然YOLOv5s的AP和检测时间都优于本文方法, 但是在对测试图像的实际检测中发现, YOLOv5s会出现误检的情况, 会错误地把血液中的其他细胞识别成酿酒酵母.

表 2 5种不同算法的AP和运行时间对比^{a)}
Table 2 Comparison of average precision and detection time of five different algorithms

模型	AP (%)	单张图片检测时间 (s)
SSD-VGG16	95.82	0.29
YOLOv3	95.70	0.44
YOLOv3-SPP	95.76	0.52
YOLOv5s	98.00	0.17
SSD-ResNet50	97.70	0.31

a) 所有实验中IoU均为0.5

3 结论

本文针对酿酒酵母侵入性感染疾病快速准确检测的需求, 提出一种基于卷积神经网络的目标检测方法以检测血液中酿酒酵母细胞. 构建了一种基于ResNet-50卷积神经网络的SSD算法, 该算法以ResNet-50作为主干特征提取网络, 以采集的500张酿酒酵母和血液混合样本图像为数据集. 通过对数据集的训

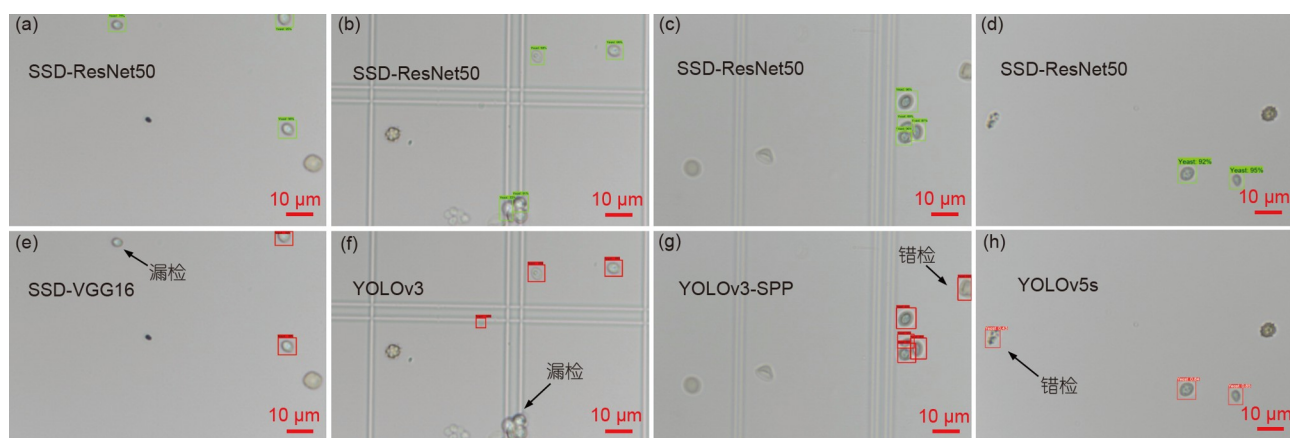


图6 五种算法的图像测试对比。A~D: 本文算法测试结果; E~H: 分别是SSD-VGG16, YOLOv3, YOLOv3-SPP和YOLOv5s算法测试结果(网络版彩图)

Figure 6 Image testing comparison among the five algorithms. A~D: Test results of the proposed algorithms; E~H: test results of SSD-VGG16, YOLOv3, YOLOv3-SPP, and YOLOv5s algorithms, respectively (Color online)

练和测试发现, 该方法能够在0.31 s时间内准确识别出酿酒酵母细胞, 以AP评估的准确率能够达到97.7%。并且针对一些不可避免的粘连细胞, 该方法也能够准确识别出来。此外, 针对相同的数据集, 该方法与4种相似的卷积神经网络算法的比较结果也表明, 该算法在检测准确性上有明显的优势, 且算法运行时间也相对较短。本文通过实验表明基于卷积神经

网络的方法能够在较短的时间内以极高的准确性识别出血液样本中的酿酒酵母细胞, 进一步验证了该方法能够作为检测侵入性酿酒酵母感染疾病的新方法。此外, 本文针对酿酒酵母检测的工作为下一步扩展到病原性真菌如念珠菌、隐球菌的检测等奠定了基础, 为病原性真菌感染疾病的检测提供了一种新的思路和方法。

参考文献

- Hoffman C S, Wood V, Fantes P A. An ancient yeast for young geneticists: a primer on the *Schizosaccharomyces pombe* model system. *Genetics*, 2016, 202: 1241
- Landaburu M F, López Daneri G A, Rellosio S, et al. Fungemia following *Saccharomyces cerevisiae* var. *boulardii* probiotic treatment in an elderly patient. *Rev Argent Microbiol*, 2020, 52: 27–30
- Kelesidis T, Pothoulakis C. Efficacy and safety of the probiotic *Saccharomyces boulardii* for the prevention and therapy of gastrointestinal disorders. *Therap Adv Gastroenterol*, 2012, 5: 111–125
- Anoop V, Rotaru S, Shwed P S, et al. Review of current methods for characterizing virulence and pathogenicity potential of industrial *Saccharomyces cerevisiae* strains towards humans. *FEMS Yeast Res*, 2015, 15: f0v057
- McFarland L V. Common organisms and probiotics: *Saccharomyces boulardii*. In: *The Microbiota in Gastrointestinal Pathophysiology*. New York: Academic Press, 2017. 145–164
- Maleb A, Sebbar E, Frikh M, et al. *Saccharomyces cerevisiae* invasive infection: the first reported case in Morocco. *J Mycol Méd*, 2017, 27: 266–270
- Pérez-Torrado R, Querol A. Opportunistic strains of *Saccharomyces cerevisiae*: a potential risk sold in food products. *Front Microbiol*, 2016, 6
- Pérez-Cantero A, Thomson P, Paredes K, et al. Antifungal susceptibility of *Saccharomyces cerevisiae* and therapy in a murine model of disseminated infection. *Rev Iberoam Micol*, 2019, 36: 37–40
- Smith D, Metzgar D, Wills C, et al. Fatal *Saccharomyces cerevisiae* aortic graft infection. *J Clin Microbiol*, 2002, 40: 2691–2692
- Popiel K Y, Wong P, Lee M J, et al. Invasive *Saccharomyces cerevisiae* in a liver transplant patient: case report and review of infection in

- transplant recipients. [Transpl Infect Dis](#), 2015, 17: 435–441
- 11 Enache-Angoulvant A, Hennequin C. Invasive *Saccharomyces* infection: a comprehensive review. [Clin Infect Dis](#), 2005, 41: 1559–1568
- 12 Seng P, Cerlier A, Cassagne C, et al. *Saccharomyces cerevisiae* osteomyelitis in an immunocompetent baker. [IDCases](#), 2016, 5: 1–3
- 13 Muñoz P, Bouza E, Cuenca-Estrella M, et al. *Saccharomyces cerevisiae* fungemia: an emerging infectious disease. [Clin Infect Dis](#), 2005, 40: 1625–1634
- 14 Piarroux R, Millon L, Bardonnet K, et al. Are live *Saccharomyces* yeasts harmful to patients? [Lancet](#), 1999, 353: 1851–1852
- 15 Ventoulis I, Sarmourli T, Amoiridou P, et al. Bloodstream infection by *Saccharomyces cerevisiae* in two COVID-19 patients after receiving supplementation of *saccharomyces* in the ICU. [J Fungi](#), 2020, 6: 98
- 16 Pandey A, Gurbuz Y, Ozguz V, et al. Graphene-interfaced electrical biosensor for label-free and sensitive detection of foodborne pathogenic *E. coli* O157:H7. [Biosens Bioelectron](#), 2017, 91: 225–231
- 17 Jia D, Zhou J, Zhang C. Detection of cervical cells based on improved SSD network. [Multimed Tools Appl](#), 2022, 81: 13371–13387
- 18 Shakarami A, Menhaj M B, Mahdavi-Hormat A, et al. A fast and yet efficient YOLOv3 for blood cell detection. [Biomed Signal Process Control](#), 2021, 66: 102495
- 19 Zhang J, Wang X, Ni G, et al. Fast and accurate automated recognition of the dominant cells from fecal images based on Faster R-CNN. [Sci Rep](#), 2021, 11: 10361
- 20 Girshick R B, Donahue J, Darrell T, et al. Rich feature hierarchies for accurate object detection and semantic segmentation. In: Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Columbus: IEEE Press, 2014. 580–587
- 21 Girshick R B. Fast R-CNN. In: Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision. Santiago: IEEE Press, 2015. 1440–1448
- 22 Ren S, He K, Girshick R, et al. Faster R-CNN: towards real-time object detection with region proposal networks. [IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell](#), 2017, 39: 1137–1149
- 23 Redmon J, Divvala S K, Girshick R B, et al. You only look once: unified, real-time object detection. In: Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Las Vegas: IEEE Press, 2016. 779–788
- 24 Liu W, Anguelov D, Erhan D, et al. SSD: single shot multibox detector. In: Proceedings of the European Conference on Computer Vision. Cham: Springer Press, 2016. 21–37
- 25 Uijlings J R R, van de Sande K E A, Gevers T, et al. Selective search for object recognition. [Int J Comput Vis](#), 2013, 104: 154–171
- 26 Lin T-Y, Maire M, Belongie S, et al. Microsoft COCO: common objects in context. In: Proceedings of the European Conference on Computer Vision. Cham: Springer Press, 2014. 740–755

Detection of invasive *Saccharomyces cerevisiae* infections based on convolutional neural network

LI Shuai¹, DU MinGao¹, LIU Fei¹ & LI GongXin^{1,2}

1 Key Laboratory of Advanced Process Control for Light Industry (Ministry of Education), Institute of Automation, Jiangnan University, Wuxi 214122, China;

2 State Key Laboratory of Robotics, Shenyang Institute of Automation, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China

Saccharomyces cerevisiae (*S. cerevisiae*) is common in the baking and brewing industries as a fermenting strain and used as a probiotic for preventing and treating various diarrheal and related diseases. However, the cases of invasive *S. cerevisiae* infections due to the ingestion of *S. cerevisiae* have been increasing over the last two decades, especially in the elderly, immunocompromised, and critically ill patient populations. Additionally, current clinical methods of diagnosing invasive *S. cerevisiae* infections are time-consuming, while the optimal times for the diagnosis and early prevention are easily missed. In this paper, a convolutional neural network (CNN)-based object detection method is proposed for the detection and identification of *S. cerevisiae* cells in the blood for invasive *S. cerevisiae* disease diagnosis. The method is based on the single shot multibox detector algorithm using the ResNet-50 network as a feature extraction network. The experimental results show that the recognition accuracy of the method can reach 97.70%, with a detection time of 0.31 s. Moreover, the algorithm recognition accuracy showed a significant advantage over three similar CNN algorithms. The paper verifies that the CNN-based object detection method can be a novel method for the detection and diagnosis of invasive *S. cerevisiae* infections, and the advantages of high detection accuracy and short method time can achieve early prevention and timely diagnosis of invasive *S. cerevisiae* infections.

invasive *S. cerevisiae* infection, CNN, ResNet-50, SSD algorithm, object detection

doi: [10.1360/SSV-2021-0408](https://doi.org/10.1360/SSV-2021-0408)