

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ АРХИТЕКТУРЫ YOLOV8 ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ ШТАММОВ ПРОДУЦЕНТОВ МОЛОЧНОЙ КИСЛОТЫ¹

USE OF YOLOV8 ARCHITECTURE FOR IDENTIFICATION OF LACTIC ACID PRODUCING STRAINS

A. Alekhina
A. Proskurin
S. Poletykin
A. Sukhanova
S. Syrtsov

Summary. This paper presents a deep neural network method for identifying lactic acid-producing microorganisms using the YOLOv8 architecture. It focuses on image database collection, annotation, data augmentation, and pre-training to improve model accuracy. The research aims to create an effective classification system based on visual characteristics. Results indicate that the model achieves an mAP of 89 % and recall of 84 %, highlighting its efficiency. The findings suggest that modern computer vision technologies can automate microorganism identification, streamlining laboratory and production processes.

Keywords: YOLOv8, lactic acid, microorganisms, computer vision, classification, biotechnology.

Алехина Анна Евгеньевна

аспирант, ассистент, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Сибирский государственный университет науки и технологий имени академика М.Ф. Решетнева»
dumooroo@gmail.com

Проскурин Александр Викторович

к.т.н., Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Сибирский государственный университет науки и технологий имени академика М.Ф. Решетнева»

Полетыкин Семен Константинович

магистрант,
лаборант научной лаборатории «Машинное обучение»
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Сибирский государственный университет науки и технологий имени академика М.Ф. Решетнева»

Суханова Анна Алексеевна

к.б.н, старший научный сотрудник лаборатории «Высокомолекулярные соединения» Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Сибирский государственный университет науки и технологий имени академика М.Ф. Решетнева»

Сырцов Сергей Николаевич

научный сотрудник лаборатории «Высокомолекулярные соединения» Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Сибирский государственный университет науки и технологий имени академика М.Ф. Решетнева»

Аннотация. Статья посвящена разработке метода глубокой нейронной сети на основе архитектуры YOLOv8 для идентификации штаммов молочнокислых микроорганизмов. Основное внимание уделяется сбору и аннотированию изображений, методам увеличения данных и предварительному обучению для повышения точности модели. Цель исследования — создание эффективной системы классификации микроорганизмов по визуальным характеристикам. Результаты показали, что модель достигает mAP 89 % и полноты охвата 84 %, что подтверждает ее высокую эффективность. Выводы демонстрируют потенциал современных технологий компьютерного зрения для автоматизации идентификации микроорганизмов, что может упростить лабораторную и производственную работу.

Ключевые слова: YOLOv8, молочная кислота, микроорганизмы, компьютерное зрение, классификация, биотехнология.

¹ Работа выполнена в рамках программы стратегического академического лидерства «Приоритет-2030» СибГУ им. М.Ф. Решетнева.

Введение

Молочная кислота существует в двух энантиомерных формах: L- и D-. Необходимо получать L-молочную кислоту высокой чистоты (97 % и выше) и D-изомеры для кристаллического полилактида. При выборе производителя важно, чтобы он преимущественно синтезировал L- или D-молочную кислоту.

Традиционные методы микробиологической идентификации, такие как культуральные и биохимические тесты (ГОСТ 10444.11-89), являются время затратными и требуют значительных ресурсов. Современные технологии компьютерного зрения и машинного обучения привлекают всё больше внимания благодаря своей способности ускорять и повышать точность идентификации микроорганизмов.

В этом исследовании предлагается использовать архитектуру YOLOv8 для детекции штаммов, продуцирующих молочную кислоту. YOLOv8, одна из самых современных моделей для объектной детекции, отличается высокой скоростью и точностью, что делает её подходящей для микробиологии.

Целью исследования является разработка эффективной методики идентификации штаммов молочнокислых бактерий на основе визуальных характеристик с использованием глубоких нейронных сетей.

Материалы и методы

Для решения задачи обнаружения объектов была выбрана модель YOLOv8 [10], являющаяся одной из самых современных и эффективных архитектур для задач компьютерного зрения. YOLOv8 обеспечивает высокую точность и скорость, продолжая традиции предыдущих версий с улучшенными алгоритмами для точного и быстрого обнаружения объектов. Модель показала отличные результаты в обработке изображений как с точки зрения точности, так и скорости, что делает её идеальной для приложений реального времени.

Для реализации и обучения модели YOLOv8 был использован фреймворк PyTorch [11].

Объектами исследования являются следующие штаммы-продуценты молочной кислоты:

Музейные штаммы:

1. *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* 19-11 (ВКПМ В-2368): Грамположительные палочки, располагающиеся одиночно и в коротких цепочках, продуцируют рацемат молочной кислоты (L-изомер 46,8 %).

Lactobacillus paracasei subsp. *paracasei* 12 (ВКПМ В-4079): Грамположительные палочки с закругленными концами, располагающиеся одиночно и в парах, продуцируют L-изомер (энантиомерная чистота 97,2 %).

2. *Lactobacillus casei* subsp. *casei* (L. *casei*): Грамположительные палочки размером 0,7–1,1 × 2–4 мкм, располагающиеся цепочками, продуцируют L-изомер (96 % чистоты).

Эффективные штаммы из лаборатории «Высокомолекулярные системы»:

1. *Bacillus coagulans*: Грамположительные палочки среднего и большого размера, располагающиеся одиночно и в цепочках, продуцируют L-изомер (95,4 % чистоты).
2. *Leuconostoc mesenteroides*: Грамположительные кокки, располагающиеся парами и цепочками, продуцируют D-изомер (96,7 % чистоты).

Для задачи классификации бактерий был собран датасет из пяти штаммов в лаборатории «Высокомолекулярные системы» СибГУ им. М.Ф. Решетнева. Снимки получены с микроскопа МИКМЕД-5 при увеличении 100 крат с разрешением 3840x2160 пикселей. В итоге создано 2571 изображение, из которых некоторые с размытыми краями были обрезаны до 2160x2160 пикселей. Штамм *Bacillus coagulans* обрабатывался отдельно из-за больших цепочек. Из каждого снимка формировалось два изображения размером 2160x2160, сохраняя центр снимка.

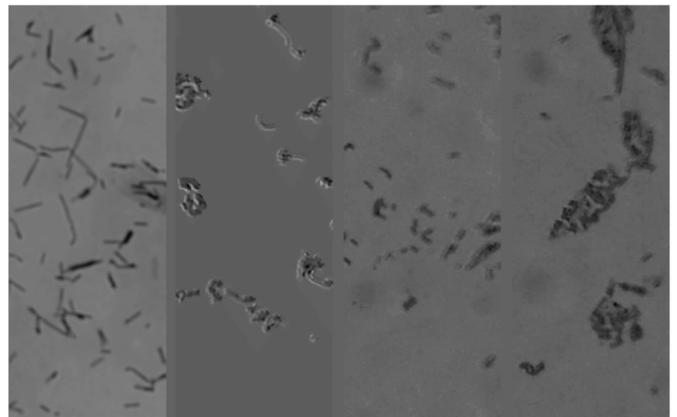


Рис. 1. Примеры вырезанных частей снимков: *L. delbrueckii*, *L. paracasei*, *L. casei*, *L. mesenteroides*

Таблица 1 содержит данные о количестве образцов и изображений для различных видов бактерий: *Lactobacillus delbrueckii*, *Lactobacillus paracasei*, *Lactobacillus casei*, *Bacillus coagulans* и *Leuconostoc mesenteroides*. *Lactobacillus paracasei* представлен 85289 образцами, а *Bacillus coagulans* — 1054 изображениями. Эти данные могут быть использованы для дальнейшего анализа и сравнительных исследований в микробиологии и пищевой промышленности.

Таблица 1.
Количество образцов и изображений бактериальных видов в наборе данных

Название класса	Количество образцов	Количество изображений
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	73407	506
<i>Lactobacillus paracasei</i>	85289	468
<i>Lactobacillus casei</i>	55754	503
<i>Bacillus coagulans</i>	15284	1054
<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	24203	504

Всего 3035 изображений разрешением 2160x2160. На них расположено 253 937 объектов пяти штаммов.

Для классов *L.casei*, *B. coagulans* и *Leuconostoc mesenteroides* были применены следующие параметры аугментации: HorizontalFlip($p=0.5$), RandomBrightnessContrast($p=0.5$), Rotate(limit=30, $p=0.5$), GaussianBlur(blur_limit=(3, 7), $p=0.5$), Resize(height=image.shape[0], width=image.shape[1])

Эти параметры помогли сделать исходный датасет более однородным.

Для оценки эффективности модели YOLOv8 были выбраны следующие метрики: средняя точность (mAP), точность ($precision$), отзыв ($recall$) и F1-score.

Средняя Точность (mAP) рассчитывается как среднее значение точности (Average Precision, AP) для всех классов:

$$mAP = 1/N \sum_{i=1}^N AP_i \quad (1)$$

$$AP = \int_0^1 p(r) dr \quad (2)$$

где N — количество классов.

Точность ($Precision$) определяется как отношение истинно положительных предсказаний (TP) к сумме истинно положительных и ложно положительных предсказаний:

$$Precision = TP / (TP + FP) \quad (3)$$

Отзыв ($Recall$) измеряет долю истинно положительных предсказаний от общего числа реальных положительных объектов:

$$Recall = TP / (TP + FN) \quad (4)$$

F1-мера является гармоническим средним между точностью и отзывом:

$$F1\text{-score} = 2 \times (Precision \times Recall) / (Precision + Recall) \quad (5)$$

Литературный обзор

В рамках исследования были рассмотрены работы, посвященные классификации и детекции штаммов бактерий с использованием методов компьютерного зрения. Работа [1] представила метод multi-MIL, который продемонстрировал высокие метрики, включая ROC AUC более 0.9. Работа [2] применила различные сверточные архитектуры (ResNet, VGG16, AlexNet) с Transfer Learning, достигая точности от 72 % до 100 %. Работа [3] использовала YOLOv4 для детекции *E. coli*, минимизировав ложно-негативные результаты до менее 10 %. Работа [4] применила LS-SVM на гиперспектральных изображениях для отслеживания *A. pasteurianus* и *L. paracasei* с точностью 90–96.67 %. Работа [5] использовала DBN для классификации *M. tuberculosis* с точностью 97.55 %. Работа [6] применила Faster R-CNN с VGG-16 для обнаружения туберкулеза, достигнув точности 82.6 %. Работа [7] использовала LeNet CNN для классификации двух видов бактерий с точностью 75 %. Работа [8] применила HMI и 1D-CNN для классификации патогенных бактерий, достигая 90 % для 1D-CNN. Работа [9] использовала YOLOv2 для классификации *E. coli* с mAP 67 %. Эти исследования демонстрируют разнообразие подходов и прогресс в области классификации и детекции бактерий с помощью глубокого обучения и компьютерного зрения.

Результаты

Модель обучалась в течение 64 эпох и демонстрирует стабильный прогресс. Значения потерь (boxloss, clsloss, dfl_loss) на тренировочных и валидационных данных указывают на успешное обучение, хотя и не без ошибок. Высокие значения точности ($precision$ 0.83887) и отзыва ($recall$ 0.84135) свидетельствуют о хорошей способности модели к детекции и идентификации объектов. Значение $mAP50$ (0.89787) показывает высокую точность при более простых условиях (порог IoU 0.5). Однако более низкое значение $mAP50-95$ (0.69372) указывает на необходимость улучшения модели при более строгих условиях (различные пороги IoU от 0.5 до 0.95). (Рисунки 2 и 3)

Заключение

В данной работе проведено исследование по идентификации штаммов, продуцирующих молочную кислоту, с использованием архитектуры YOLOv8. Исследование показало, что использование YOLOv8 для данной задачи является эффективным и перспективным подходом. Модель продемонстрировала высокую точность (mAP 89%) и скорость обработки, что делает её ценным инструментом для автоматизации процессов в микробиологии и биотехнологии.

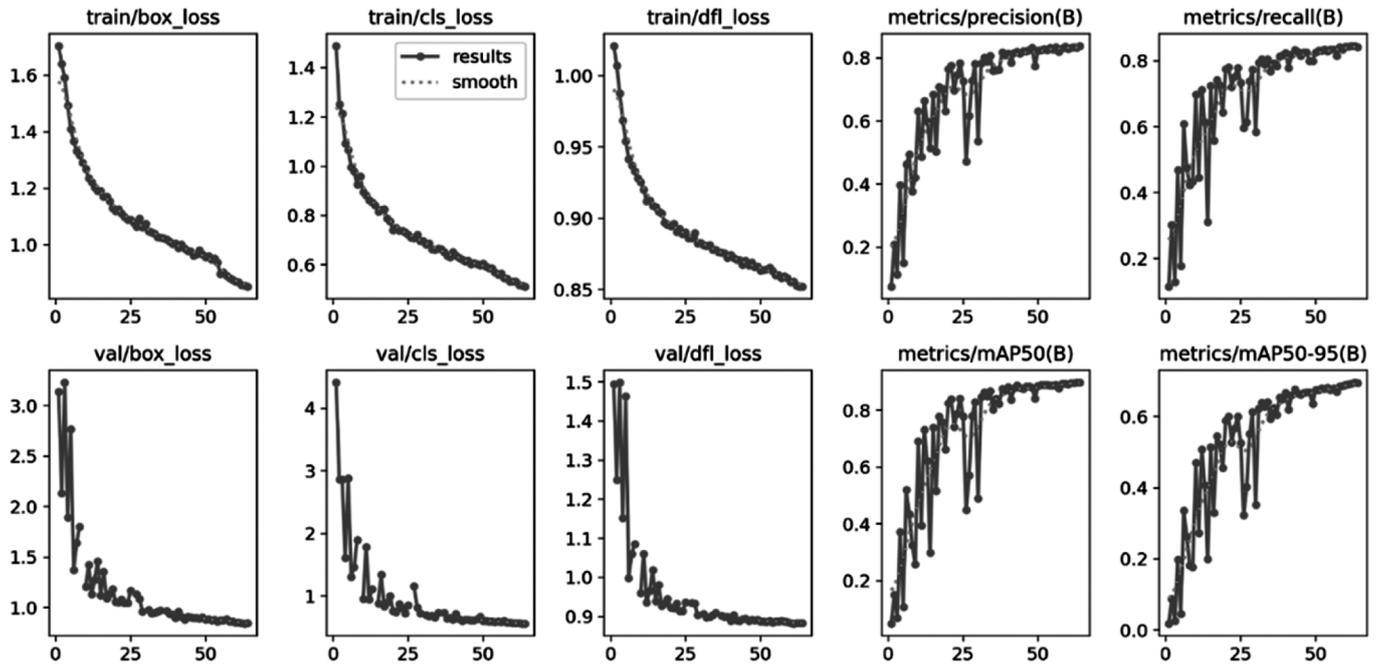


Рис. 2. Прогресс обучения модели: потеря и метрики производительности на протяжении эпох

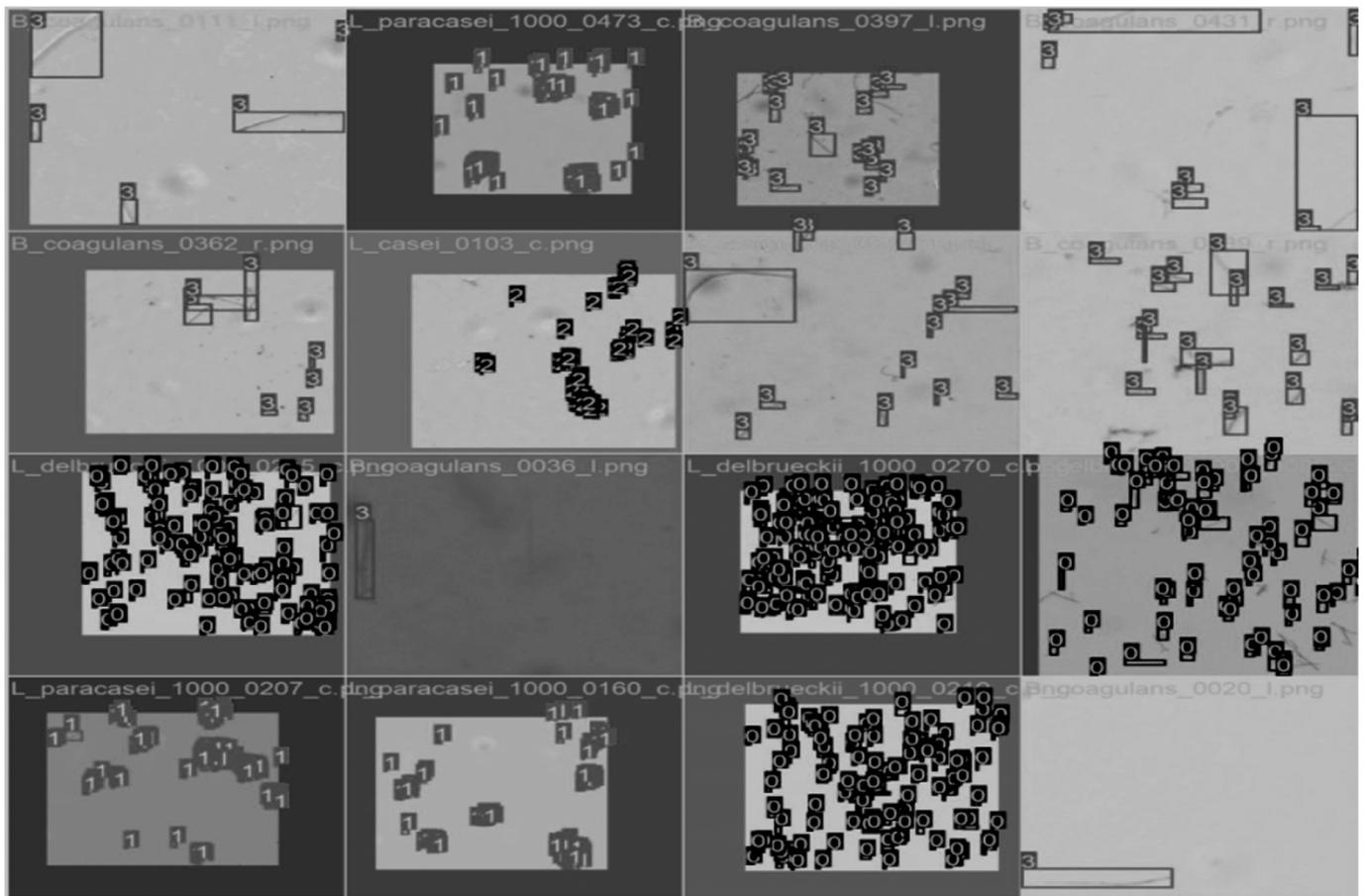


Рис. 3. Результаты производительности модели обнаружения объектов на тестовом наборе данных

Обсуждение

Полученные результаты имеют большое значение для производителей молочной кислоты, так как автоматизация процесса идентификации может значительно ускорить и упростить работу в лабораторных и произ-

водственных условиях, повышая эффективность и снижая затраты. Однако, остаются области для дальнейшего улучшения, например, улучшение качества аннотаций и расширение размера обучающей выборки для повышения точности модели.

ЛИТЕРАТУРА

1. Borawskaa A, Rymarczyk D, Ochonska D, Sroka-Oleksiak A, Brzychczy-Wloch M, Zielinski B. Identifying Bacteria Speciesinn Microscopic Polyculture Images Using Deep Learning. *IEEE J Biomed Health Inform.* 2023 Jan;27(1):121–130. doi: 10.1109/JBHI.2022.3209551. Epub 2023 Jan 4. PMID: 36155470.
2. S. A. Nagro et al., «Automatic Identification of Single Bacterial Colonies Using DeepLearning and Transfer Learning,» in *IEEE Access*, vol. 10, pp. 120181–120190, 2022, doi: 10.1109/ACCESS.2022.3221958. keywords: {Microorganisms;Transfer learning;COVID-19;Pulmonary diseases;X-ray imaging;Biomedical imaging;Deep learning;Convolutional neural networks;Deep learning;deep convolutional neural network;ResNet;VGG-16;AlexNet;DenseNet;SqueezeNet;dataset;bacterial classification;bacterial colonies;bacteriology}.
3. Ma L, Yi J, Wisuthiphaet N, Earles M, Nitin N, 2023. Accelerating the Detection of Bacteria in Food Using Artificial Intelligence and Optical Imaging. *Appl Environ Microbiol* 89:e01828–22. <https://doi.org/10.1128/aem.01828-22>
4. Li, Yanxiao & Hu, Xuetao & Shi, Jiyong & Qiu, Baijing & Xiao, Jianbo. (2021) p.m). Visual detection of microbial community during three bacteria mixed fermentation through hyperspectral imaging technology. *eFood*. 2. 10.53365/efood.k/143830.
5. MithraK. & Sam Emmanuel W. 2019. Automated identification of mycobacterium bacillus from sputum images for tuberculosis diagnosis. *Signal, Image and Video Processing* 13:1585_1592 DOI 10.1007/s11760-019-01509-1.
6. El-Melegy M, Mohamed D, ElMelegy T. 2019. Automatic detection of tuberculosis bacilli from microscopic sputum smear images using faster R-CNN. In: *Transfer learning and augmentation*. Cham: Springer International Publishing, 270_278.
7. Treebupachatsakul T, Poomrittigul S. 2019. Bacteria classification using image processing and deep learning.In n: 2019 34th international technical conference on circuits/systems, computers and communications (ITC-CSCC). Piscataway: IEEE, 1_3.
8. Kang R, Park B, Eady M, Ouyang Q, Chen K. 2020a. Classification of foodborne bacteria using hyperspectral microscope imaging technology coupled with convolutional neural networks. *Applied Microbiology and Biotechnology* 104:3157–3166 DOI 10.1007/s00253-020-10387-4.
9. Spahn C, Gómez-de Mariscal E, Laine RF, Pereira PM, von Chamier L, Conduit M, Pinho MG, Jacquemet G, Holden S, Heilemann M. 2022. DeepBacs for multi-task bacterial image analysis using open-source deep learning approaches. *Communications Biology* 5:688 DOI 10.1038/s42003-022-03634-z.
10. R. Varghese and S. M., «YOLOv8: A Novel Object Detection Algorithm with Enhanced Performance and Robustness,» 2024 International Conference on Advances in Data Engineering and Intelligent Computing Systems (ADICS), Chennai, India, 2024, pp. 1–6, doi: 10.1109/ADICS58448.2024.10533619.
11. Paszeke, A. et al., 2019. PyTorch: An Imperative Style, High-Performance Deep Learning Library. In *Advances in Neural Information Processing Systems* 32. Curran Associates, Inc., pp. 8024–8035. Available at: <http://papers.neurips.cc/paper/9015-pytorch-an-imperative-style-high-performance-deep-learning-library.pdf>.

© Алехина Анна Евгеньевна (dumoooroo@gmail.com); Проскурин Александр Викторович; Полетыкин Семен Константинович;
Суханова Анна Алексеевна; Сырцов Сергей Николаевич
Журнал «Современная наука: актуальные проблемы теории и практики»