郭玉彬，林欣颖，曾晓银，孙坚，李西明 . 药敏试验结果智能化判读方法研究［J］. 广东农业科学，2020，47（2）：141-148.

药敏试验结果智能化判读方法研究

郭玉彬[1]，林欣颖[1]，曾晓银[1]，孙　坚[2]，李西明[1]

（1. 华南农业大学数学与信息学院，广东 广州 510642；
2. 华南农业大学兽医学院，广东 广州 510642）

摘　要：【目的】细菌耐药性监测是公共健康安全领域一项至关重要的工作。针对目前耐药性试验结果需要人工读取而结果判读主观性强且效率较低的问题，提出了利用卷积神经网络进行微孔图像识别的药敏试验结果判读方法。【方法】根据国家兽医微生物耐药性风险评估实验室提供的 MIC 试验图像构建数据集，利用 Inception_V4 和 MobileNet_V1 两个神经网络模型进行单个微孔药敏试验结果图像识别模型的训练，并基于模型判断的分类结果构建 MIC 值计算方法以及耐药性判断方法，实现药敏试验结果的自动识别。【结果】利用 Inception_V4 和 MobileNet_V1 两个神经网络模型进行单个微孔药敏试验结果图像识别的准确率分别达到 99.99%、99.97%，MIC 值及耐药性判定的准确率分别达到 97.30%、94.40% 和 99.13%、98.40%。【结论】两种卷积神经网络均可替代人工判读，提高工作效率，并降低对实验人员的专业性要求。与 Inception_V4 相比，MobileNet_V1 模型的判读精度略低，但效率较高，可达到实用化程度。

关键词：卷积神经网络；耐药性；药敏试验；最低抑菌浓度（MIC）

中图分类号：S8-05；R446.5　　**文献标志码**：A　　**文章编号**：1004-874X（2020）02-0141-08

Method for Recognizing Antimicrobial Susceptibility Testing Results Based on Convolutional Neural Network

GUO Yubin[1], LIN Xinying[1], ZENG Xiaoyin[1], SUN Jian[2], LI Ximing[1]

（1. *College of Mathematics and Informatics, South China Agricultural University, Guangzhou* 510642, *China;*
2. *College of Veterinary Medicine, South China Agricultural University, Guangzhou* 510642, *China*）

Abstract:【Objective】Antimicrobial resistance surveillance is a vital task in the field of public health safety. Up to now, most results of antimicrobial susceptibility testing (AST) need to be recognized manually, which lead to subjective interpretations of experimental results and lower working efficiency. In this paper, an automatic method for interpreting AST results of microporous image recognition based on convolutional neural network is proposed.【Method】According to the data set of MIC test image construction provided by the National Veterinary Micromicrobial Resistance Risk Assessment Laboratory, the image recognition model of single microporous AST result was trained by, using two convolutional network models - Inception_V4 and MobileNet_V1. Based on the classification results of the model recognition, the MIC value calculation method and the drug resistance recognition method were established, and the automatic identification of the AST results was achieved.【Result】With the two Convolutional Neural Networks - Inception_V4 and MobileNet_V1Inception_V4, the accuracy rates of image recognition of single microporous AST results were 99.99% and 99.97%, respectively.

收稿日期：2020-01-10

基金项目：国家重点研发计划项目（2016YFD0501300）；国家基金海外合作重点项目（30520103918）；广东省乡村振兴战略专项（粤农计〔2018〕54 号）

作者简介：郭玉彬（1973—），女，博士，副教授，研究方向为大数据技术应用及数据库与网络计算，E-mail：lxm_lsy@126.com

通信作者：李西明（1974—），男，博士，高级工程师，研究方向为密码学、大数据技术应用和软件体系架构，E-mail：liximing@scau.edu.cn

And the accuracy of MIC value and drug resistance recognition reached 97.30%, 94.40% and 99.13%, 98.40%, respectively. 【Conclusion】Both of the two convolutional neural networks can replace manual interpretation, to improve the work efficiency and reduce the professional requirements for experimenters. Compared with Inception_V4, the interpretation accuracy of the MobileNet_V1 model is slightly lower, but the efficiency is higher, and the practicality can be reached.

Key words: Convolutional Neural Network; drug resistance; antimicrobial susceptibility test; minimal inhibitory contentration (MIC)

【研究意义】目前我国乃至全世界动物源细菌存在耐药现象十分普遍，多重耐药、泛耐药的菌株不断出现，给公共卫生和食品安全造成了很大威胁[1-2]。实现耐药性控制的前提条件是实时、准确地进行细菌的耐药性监测。目前耐药监测的主要手段是对采样细菌进行药物敏感性试验，再利用试验结果获取监测范围内致病菌感染发生率及耐药动态。而这些结果是动态预测耐药趋势及抗菌药物治疗效果、指导临床用药、研究耐药机理的依据，同时也为政府耐药性监管、新药研发等工作提供支持[3]。细菌药物敏感性试验（antimicrobial susceptibility test，AST），简称药敏试验，是一种定量测定微生物对抗菌药物耐受程度的方法[2-8]。目前我国大部分养殖场，特别是中小型养殖场使用最多的 AST 试验方法是微量肉汤稀释法[2, 6]。因此，研究提高药敏试验结果判读效率具有重要意义。【前人研究进展】微量肉汤稀释法主要过程是将分离培养后的菌株加入已配置不同浓度药剂的微孔板试剂盒的各个微孔中，孵育一段时间后，通过观察试剂盒中微孔的颜色或浑浊度变化来确定最低抑菌浓度（minimal inhibitory concentration，MIC）。目前，多数实验室通过实验人员肉眼观察来确定细菌 MIC 值。虽然近年国内外市场已出现了一些基于微量肉汤稀释法的自动快速检测系统，但仪器价格昂贵、试验条件要求复杂，无法支持我国基层的养殖场，特别是中小型养殖户批量测试的需求。而人工读取数据的方法效率低，且对实验人员眼力、体力是一个严重考验，无法长时间连续工作。近年来人工智能技术的突破引领计算机视觉的飞速发展，物体识别问题已初步解决，例如，ImageNet 挑战赛的物体识别正确率已经达到人类水平。这方面研究成果正大规模应用于人们生产、生活场景，如刷脸支付、视频 / 监控分析等[9-11]。【本研究切入点】本研究将卷积神经网络在物体识别方面的研究成果应用于药敏试验中结果的判读，首先利用手机等设备采集药敏试验结果图像，再利用卷积神经网络进行试验结果识别，最终通过微孔坐标和药物浓度分布计算得出细菌耐药试验的 MIC 值。【拟解决的关键问题】本研究选择在图像分类领域表现优异的 Inception_V4 模型和 MobileNet_V1 模型进行药敏试验结果识别，通过对比分析选择更适合试验环境的卷积神经网络进行试验结果图像识别，提高 MIC 值计算的精度和判读效率。

1 研究基础

1.1 药敏试验

微量肉汤稀释法是目前最常用的药敏试验方法。该法采用 96 孔微量梯度稀释药敏板（简称 96 孔板），对每个微孔按顺序添加不同浓度的多种药物，用于测量某种细菌对指定药物的 MIC 值[4]。药敏试验结果中粉红色的圆孔代表有细菌生长，深蓝色或紫色的圆孔代表无细菌生长。由于高浓度的微孔中细菌不易生长而较低浓度的微孔中细菌容易生长，而且同一种药物的微孔从高浓度至低浓度按顺序排列，因此正常情况下微孔的颜色排列从蓝色逐渐变为粉色。第一个出现的粉色微孔的前一个紫色微孔对应的药物浓度即为所测细菌对所测药物的 MIC 值。如果出现同一种药物相邻微孔颜色从粉色突变为蓝色，或出现其他渐变的颜色排列，则认为发生“跳孔”现象，无法获得正确的 MIC 值，需要重新试验。

1.2 卷积神经网络

卷积神经网络能够对原始图像进行层次化抽象处理，自行抽取图像的特征包括颜色、纹理、形状等，从而取代手工选择图像特征的繁重工作[12]。与传统的神经网络相比，卷积神经网络具有适用性强、泛化能力强、全局优化训练参数少等优点[13]。卷积神经网络的结构一般为输入层 – 卷积层 – 池化层 – 卷积层 – 池化层 – 全连接层 – 输出层。其中输入层是整个神经网络的输入，在处理图像的卷积

神经网络中，它是指图片的像素矩阵。卷积层通过深入分析神经网络中的每一个小块获取抽象程度更高的特征。池化层对卷积层输出的特征图传递进行特征选择和信息过滤。在多轮卷积层和池化层处理后，一般会由 1 个或 2 个全连接层来总结之前的特征并将其映射到样本空间中。输出层使用逻辑函数或归一化指数函数输出计算结果[10, 12]。

1.3　Inception_V4 网络模型

Inception 网络源于 2014 年 ILSVRC 竞赛冠军神经网络 GoogleNet（Inception_V1），Inception_V4 是目前应用最广泛的版本。Inception_V4 网络结构（图 1）中的 stem 模块由多个卷积层和池化层组成，其作用是预处理数据。stem 模块连接 3 种 Inception 模块，3 种 Inception 模块间的 Reduction 模块起到池化作用。Inception-A 模块使用两个 3×3 卷积，并且使用平均池化，主要处理 35×35 的特征图。Inception-B 模块使用 1×N 和 N×1 卷积，同样使用平均池化，主要处理 17×17 的特征图。Inception-C 模块用 1×3 卷积和 3×1 卷积。

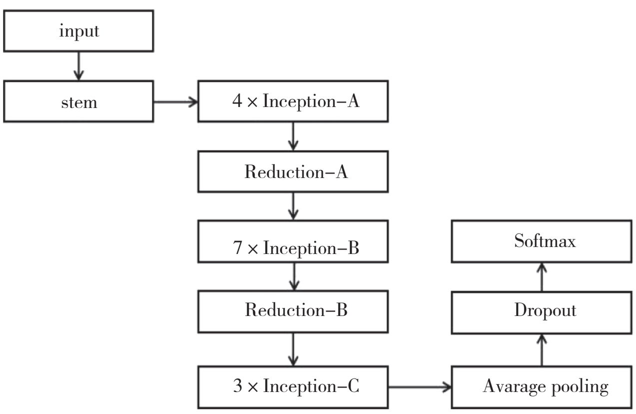

图 1　Inception_V4 网络结构

Fig. 1　Convolutional neural network model of Inception_V4

1.4　MobileNet_V1 网络模型

MobileNet 分类网络是 Google 研究团队针对嵌入式设备提出的一种轻量级的深度神经网络。MobileNet 模型基于深度可分解的卷积，将标准卷积分解为 1 个深度卷积和 1 个点卷积（1×1 卷积核）。这种分解使计算时间减少为分解前的 1/9，计算参数减少为分解前的 1/7。深度卷积层的每个滤波器都跟输入的每个通道进行卷积，点卷积层负责合并深度卷积层的结果[14]。标准卷积分解如图 2 所示。

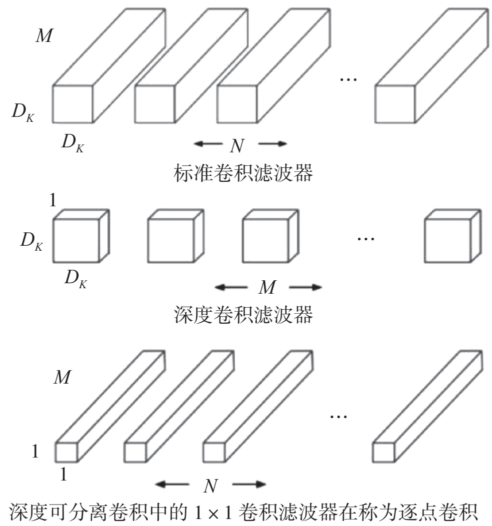

图 2　标准卷积分解过程

Fig. 2　Decomposition process of standard convolution

MobileNet_V1 的网络结构如表 1 所示。Moblienet_V1 模型第一层为全卷积层，接着是 13 对深度卷积层和点卷积层组合，接下来是池化层、全连接层以及 softmax 层，共 30 层。所有层都包含批规格化操作且使用 ReLU 非线性激活函数，除了全连接层没有非线性激活函数直接送入 softmax 层进行分类。

2　试验设计与实现

国家兽医微生物耐药性风险评估实验室是国家发改委、农业部批准立项的国家重点实验室。畜禽重要病原菌耐药性监测是该实验室的一项重要工作，目前已积累从全国各省养殖场获取并分离到的细菌 4 万多株，且每年新增畜禽样品 1 万多个、新分离细菌 2 000 株左右。在药敏监测工作中，已保存大量药敏监测信息，包括样品、菌株、药品、药敏板图像和试验结果等信息。本研究依托该实验室开展。

首先对药敏试验图像进行校正、增强、切割形成适合卷积神经网络训练和验证的试验数据集。试验数据集中每张图像是 1 个微孔图像。标签分有菌、无菌两类，依据人工判读的试验结果为每张图片设置标签。

目前业界开发了许多成熟的深度学习框架包括 Tensorflow[15]、Caffe[16]、PyTorch[17] 等，这些框架推动了机器学习和深度神经网络研究，同时更方便将卷积神经网络等模型应用于更多专业领域，引领、带动了应用的发展。本研究选择

表 1　MobileNet_V1 网络结构
Table 1　Convolutional neural network of MobileNet_V1

层数 Layer number	层类型 Layer type	滤波器大小 Filter size	输入大小 Input size
1	Conv/s2	3 × 3 × 3 × 32	224 × 224 × 3
2	Conv dw /s1	3 × 3 × 32 dw	112 × 112 × 32
3	Conv/s1	1 × 1 × 32 × 64	112 × 112 × 32
4	Conv dw /s2	3 × 3 × 64 dw	112 × 112 × 64
5	Conv/s1	1 × 1 × 64 × 128	56 × 56 × 64
6	Conv dw /s1	3 × 3 × 128 dw	56 × 56 × 128
7	Conv/s1	1 × 1 × 128 × 128	56 × 56 × 128
8	Conv dw /s2	3 × 3 × 128 dw	56 × 56 × 128
9	Conv/s1	1 × 1 × 128 × 256	28 × 28 × 128
10	Conv dw /s1	3 × 3 × 256 dw	28 × 28 × 256
11	Conv/s1	1 × 1 × 256 × 256	28 × 28 × 256
12	Conv dw /s2	3 × 3 × 256 × 512	28 × 28 × 256
13	Conv/s1	1 × 1 × 128 × 128	14 × 14 × 256
14~23	5 ×（Conv dw/s1 Conv/s1）	3 × 3 × 128 dw　1 × 1 × 256 × 512	14 × 14 × 512　14 × 14 × 512
24	Conv dw /s2	3 × 3 × 512 dw	14 × 14 × 512
25	Conv/s1	1 × 1 × 512 × 1024	7 × 7 × 512
26	Conv dw /s2	3 × 3 × 1024 dw	7 × 7 × 1024
27	Conv/s1	1 × 1 × 1024 × 1024	7 × 7 × 1024
28	Avg pool /s1	pool 7 × 7	7 × 7 × 1024
29	FC/s1	1024 × 1000	1 × 1 × 1024
30	softmax/s1	classifier	1 × 1 × 1000

Tensorflow 中用来构建、训练、评估复杂模型的轻量化库 TF-Slim 来开展试验工作。图像识别采用 Inception_V4 和 MobileNet_V1 两种神经网络模型，两个模型来自 TF-Slim。对两个模型分别进行模型训练、图像识别，目标是挑选对药敏试验结果识别准确率、效率都比较高的模型。对识别结果结合 96 孔板药物浓度排列对照计算得到药敏试验的 MIC 值结果，并依据对获取的 MIC 值与人工判别结果进行对比，验证结果的可靠性。

本研究神经网络训练采用 Ubuntu-MS-7A54 服务器、GPU NVIDIA GeForce GTX 1080Ti，2 块，操作系统为 Ubuntu16.04，调用 OpenCV3.4.2 库进行图像处理（校正、增强和分割等），MIC 计算采用 Java1.8.0 完成，神经网络训练用图像识别，使用 Python3.5.4 语言调用 Tensorflow1.6.0（GPU 版）完成。

2.1　试验数据集构建

国家兽医微生物耐药性风险评估实验室提供历年 MIC 试验有效 96 孔板图像约 6 000 张，图片由统一专业设备拍摄，背景为黑色底板。本研究随机抽取其中 200 张 96 孔板试验图像，裁剪得到微孔图像 19 200 张。去掉其中由于光线模糊、切割位置不准确等原因造成的不可用的微孔图像。对可用微孔图像通过旋转、翻转增加噪声等操作获取更多图像，方便神经网络训练。本试验所得数据情况如表 2 所示，其中训练集微孔图像 100 000 张，验证集微孔图像 29 976 张。

2.2　图像预处理

试验图像预处理是指将原始拍摄的药敏试验结果 96 孔板图像转换成神经网络模型可使用格式，得到试验数据集。图像预处理过程及各步骤处理结果见图 3。首先对原始图像进行几何校正、大小调整，灰度化，得到 96 孔板的 750 × 1 000 正射灰度图；第 2 步进行高斯滤波处理，消除和抑制噪声；第 3 步进行 Morphology 形态学变换处理（开运算：先腐蚀再膨胀），进一步消除噪声；第 4 步进行 Canny 边缘检测处理，得到图像上轮廓的点集合图像；第 5 步对点集集合进行直线拟合，拟合出 96 孔板 4 条最外围边界直线，从直线交点得到每个微孔的外切正方形 4 个顶点坐标，利用这些坐标在原图像上标注 96 孔板位置；第 6 步根据上一步得到的坐标将 96 孔板从原图中裁剪下来，通过透视变换得到标准矩形形式的 96 孔板图像；第 7 步根据孔位置相对不变性调整参数，

表 2　试验数据分布情况

Table 2　Distribution of experimental data

数据集 Data set	有菌微孔数量 Number of micropores with bacterial growth	无菌微孔数量 Number of micropores without bacterial growth	样本总数 Total number of samples
训练集 Training set	50000	50000	100000
验证集 Validation set	14976	15000	29976
总样本 Total number of samples	64976	65000	129976

在标准 96 孔板图像上定位 96 个微孔；第 8 步裁剪得到 96 个正方形微孔图像，对每个微孔图像去除 4 个角的冗余信息得到试验图像；最后一步对数据设置标签，本试验将数据集分为有菌、无菌两类标签。微孔颜色偏红色的表示有菌生长，标签标注为“有菌”，微孔颜色偏紫色表示无菌生长，标签标注为“无菌”。对数据的标注依据人工判读的药敏试验 MIC 值进行。

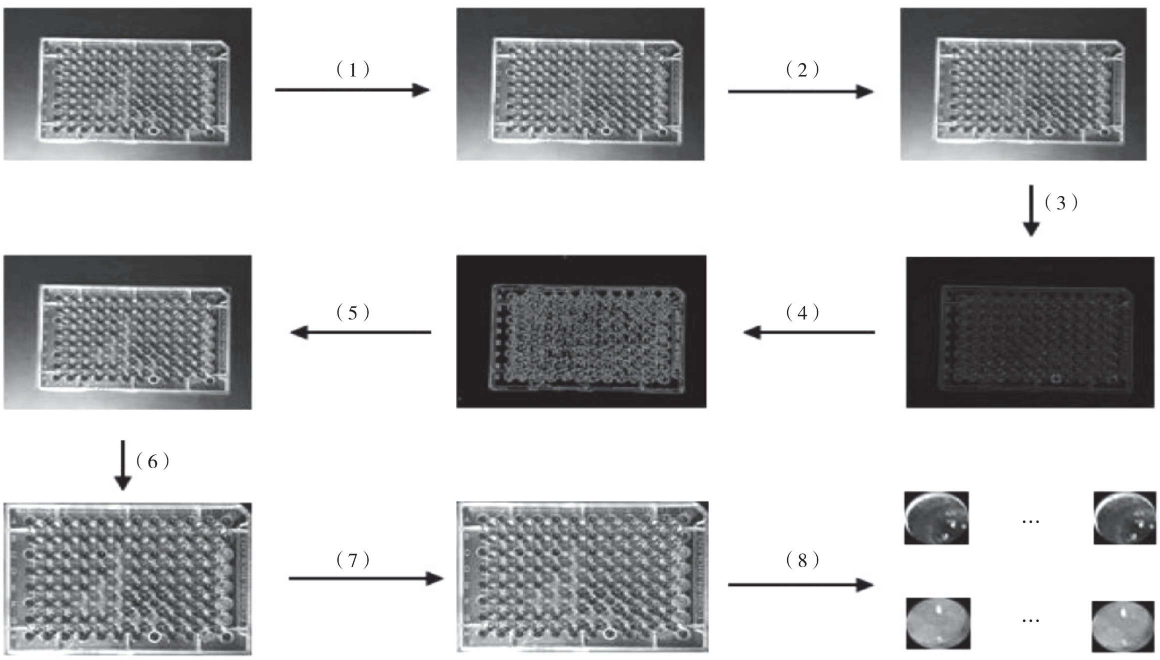

图 3　图像预处理过程

Fig. 3　Preprocessing procedure of image

经过数据预处理后得到微孔图像 19 200 张，去掉不可用的微孔图像（原因可能是拍摄角度、变换失真等）后得到有效微孔图像 15 573 张，再经过图像旋转、翻转和添加噪声数据等变换将图像增加至 186 876 张，得到标注为“有菌”的图像 64 976 张，标注为“无菌”图像 121 900 张，为了平衡样本数量从紫色微孔图像中随机筛选 65 000 张，最后得到的样本总数为 129 976 张，将其中的 100 000 张图片作为训练集，29 976 张图片作为验证集（表 2）。

2.3　卷积神经网络训练

本研究使用 Inception_V4 和 MobileNet_V1 两个卷积神经网络进行图像识别。两个卷积神经网络模型训练过程相同，首先设置模型的超参数进行训练，依据损失值和准确率进行模型评估，若收敛到稳定损失值和准确率则停止试验，否则重复训练与模型评估过程直到符合停止条件。

模型超参数设置：初始学习率为 0.01，权重衰减为 0.00004，训练和验证时 batch_size 为 32，采用均方根反向传播（RMSProp）学习策略提高收敛速度。

对两个卷积神经网络每训练 5 万步进行 1 次模型评估，2 个模型都训练了 50 万步。模型的损失曲线如图 4 所示。由图 4 可见，MobileNet_V1 模型在训练步数 20 万步左右达到收敛状态；Inception_V4 模型在训练步数 30 万步左右达到敛状态，收敛速度稍慢。由图 5 可知，两个模型的验证准确率均随着训练次数增加而上升，在相同的验证集且验证

集数量达到 29 976 张图片的情况下，MobileNet_V1 验证准确率达到 99.9733%，而 Inception_V4 则达到了 99.9966%，两个模型验证准确率都非常高，但略有差异。

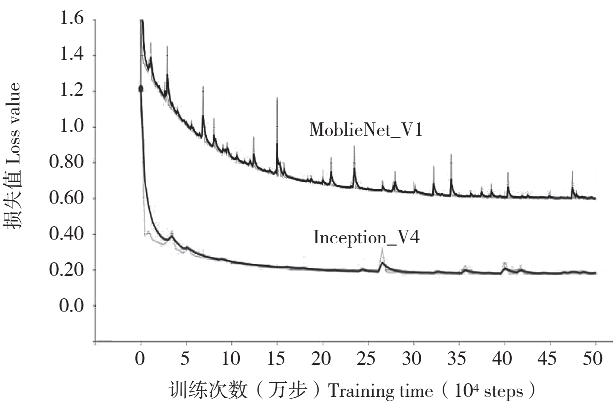

图 4　两种模型的损失曲线

Fig. 4　Loss curve of two models

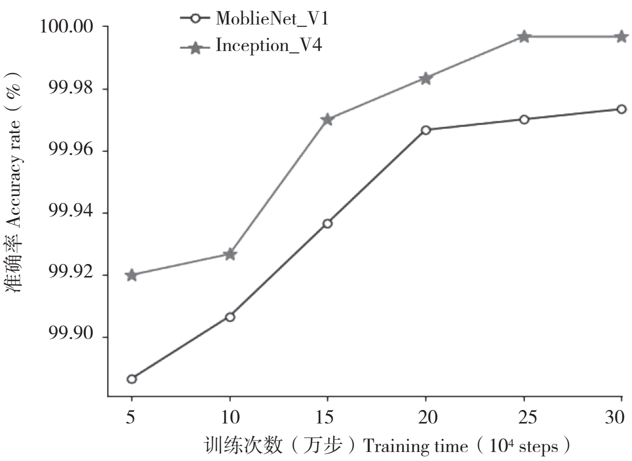

图 5　两种模型的验证曲线

Fig. 5　Validation curve of two models

2.4　MIC 计算及试验异常判定

上述图像识别是针对单个微孔的，若要用于药敏检测结果识别还需要依据微孔坐标及 96 孔板药物及浓度排列进行判定。首先将每个微孔的分类结果依据坐标转换形成一个 01 矩阵（“0”表示图像识别结果为“无菌”，“1”表示图像识别结果为“有菌”）。对每种药物，因为微孔板上药物深度从高到低排列，因此正确的识别结果应为全 0、全 1，或连续多个 0 之后连续多个 1（例如 0001111）。若出现了从 1 变为 0 的序列（例如 0011101）则说明发生了识别错误或“跳孔”现象。计算 MIC 值的流程如图 6 所示。

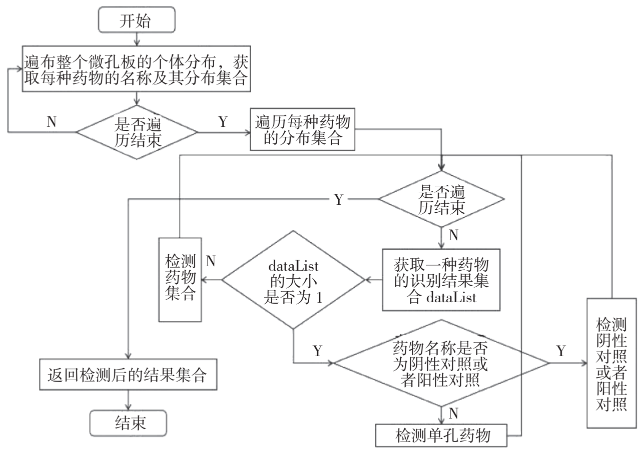

图 6　MIC 值计算流程

Fig. 6　Flowchart of MIC calculation

计算流程中当一种药物的识别结果集合大小不为 1 时检测药物集合，该子流程具体情况如图 7 所示。识别结果集合大小为 1 时则分两种情况：一表明该“药物”是阴性对照或阳性对照，需进行阴性对照和阳性对照的检测；二表明微孔板中只为该药物设计了 1 个浓度值，故只需检测单孔。若识别结果为 1，则该药物的 MIC 值为该微孔所表示的浓度；若识别结果为 0，则该药物无 MIC 值。

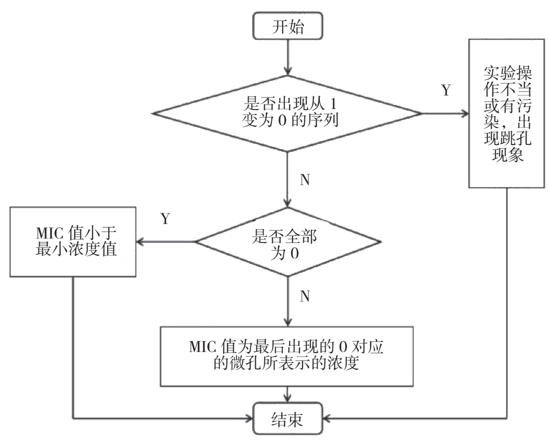

图 7　药物集合检测流程

Fig. 7　Detection flowchart of medicine set

3　结果与分析

本研究测试组取 80 张试验结果 96 孔板图像，经过图像处理形成微孔图像，利用已训练好的卷积神经网络进行判读，得到 8×12 的 01 矩阵（0 代表无菌，1 代表有菌），再按图 6、图 7 计算得到每种药物的 MIC 值，进而了解耐药情况，试验结果见表 3。

表 3　两种模型对药敏结果判读效果对比

Table 3　Comparison of the interpretation effects of two models on drug susceptibility results

模型 Model	单微孔判读准确率（%）	单微孔判读特异率（%）	单微孔判读敏感率（%）	MIC 准确（%）	耐药性准确率（%）
Inception-V4	99.99	99.67	100	97.3	99.13
MobileNet_V1	99.97	99.41	100	94.4	98.40

通过对 Inception_V4 和 MobileNet_V1 两种神经网络模型的训练，单微孔图像识别准确率分别达到 99.99%、99.97%，特异性和敏感性比率也非常高。MIC 准确率略低的原因在于每张 96 孔板由 96 单微孔组成，MIC 值的计算依赖于不同浓度药物在微孔板上的排列。但两个模型的 MIC 准确率仍可达到 97.30%、94.40%。因为耐药性计算依赖于判定标准的折点值，因此，其准确率高于 MIC 值准确率，两模型的耐药性准确率达到 99.13%、98.40%。同时，本研究对 Inception_V4 和 MobileNet_V1 在相同验证集下进行了效率对比，对整张 96 孔板图像，两个模型的识别时间分别是 55 s 和 234 s，Inception_V4 模型的图像识别时间约是 MobileNet_V1 模型的 4.25 倍。由试验结果可得到 MobileNet_V1 网络图像识别准确率比 Inception_V4 较低，但是模型的识别效率比 Inception_V4 高，这是由于 InceptionV4 模型网络层数多，而 Mobilenet_V1 网络为轻量化网络模型，网络层数较少。

4　讨论

通过试验分析，Inception_V4 和 MobileNet_V1 模型都可用于药敏结果判读。Inception_V4 模型判读精度略高于 MobileNet_V1 模型，但其时间消耗高于 MobileNet_V1 模型。在精度要求高、时间要求不高的场合，可使用 Inception_V4 模型进行试验结果判读；而在时间要求高、精度要求不太高的场合，可使用 MobileNet_V1 模型进行试验结果判读。实时上，通过简单调整，MobileNet_V1 模型达到可实用化的程度，即可构建应用系统，让实验人员通过网络上传试验结果图像，利用 MobileNet_V1 进行试验结果判读并返回结果。

与传统人工判读试验结果的方法相比，本研究提供的方法增加了试验结果拍照、相关资料电子等工作，将试验结果判读环节简化为拍照、上传、利用神经网络进行结果判读、读取试验结果。这一方面可提高实验人员工作效率，另一方面，可降低对实验人员的要求，不再需要经过专业的判读训练，只需按规程拍照上传即可获取试验结果。这些工作看似增加了实验人员的工作量，但此项工作可提高耐药性监测工作的信息化程度，为药敏监测工作积累原始数据，为后期耐药性监测、预测和指导临床用药等工作保存了原始证据。另外，也为利用深度学习、大数据技术与分析挖掘其中更具价值的规律性知识提供了基础。

目前药敏试验图像拍摄环节略有困难，使用手机、相机等设备拍照，易受视角、光照等因素影响，从而导致药敏板上个别微孔试验结果无法读取或判读错误。对此问题，可从两个方面考虑，一是开发专用拍照设备，固定角度与光照条件以提高图像质量；二是对 MobileNet_V1 模型进行改进，进一步提高单孔判读准确率。另外，针对药敏图像特点改进神经网络模型，进一步提高卷积神经网络模型训练和图像识别效率后续要开展的工作。

5　结论

本研究将卷积神经网络应用于药敏监测试验中 MIC 值判读和耐药性判定，利用 Inception_V4 和 MobileNet_V1 两种模型进行药敏试验单微孔图像识别，并给出 MIC 值计算、耐药性判定及试验结果异常判别的算法。单微孔图像识别试验结果表明，两种模型都可应用于药敏试验结果判读。药敏试验 MIC 值准确率分别达到 97.30%、94.40%，耐药性判定的准确率更是达到 99.13%、98.40%。以 MobileNet_V1 模型的判读算法为基础，可对此进行实用化推广，达到替代人工判读药敏试验结果的目标。与传统药敏试验结果的人工判读相比，本研究工作提高药敏试验结果判读准确率及效率，可提高药敏试验信息化程度。

参考文献（References）：

［1］　孙坚，刘雅红，冯友军．动物源细菌耐药性研究现状与对策［J］．生物工程学报，2018，34（8）：1246-1258. doi:10.13345/j.cjb.180162.

SUN J, LIU Y H. FENG Y J. Towards understanding antibiotic resistance in animals-borne bacterial pathogens［J］. *Chinese Journal of Biotechnology*,2018,34（8）:1246-1258.doi:10.13345/j.cjb.180162.

［2］　张可欣，李忠海，任佳丽．食源性细菌耐药性检测方法的研究进展［J］．食品与机械，2018，34（2）：181-184. doi:

CNKI:SUN:SPJX.0.2018-02-041.

ZHANG K X, LI Z H, REN J L.Research progress on detection methods of food-borne bacteria resistant against drugs［J］. *Food & Machinery*, 2018, 34（2）: 181-184. doi:CNKI:SUN:SPJX.0.2018-02-041.

［3］ SUN J,LIAO X P,LIU Y H. One Health: an approach to resolving antibiotic resistance［J］. *Infect Dis Trans Med*, 2016, 2（3）: 122-124.doi:info:doi/10.11979/idtm.201603007.

［4］ 胡明, 李璐璐, 赵敏, 骆延波, 张印, 齐静, 张庆, 刘玉庆 .96 点阵琼脂稀释法与微量肉汤稀释法药敏试验结果的对比［J］. 中国抗生素杂志, 2018,43（6）:729-733.doi:10.13461/j.cnki.cja.006284.

HU M, LI L L, ZHAO M, LUO Y B, ZHANG Y, QI J, ZHANG Q, LIU Y Q. Comparison of the results of 96 dot agar dilution method and broth microdilution method［J］.*Chinese Journal of Antibiotics*, 2018, 43（6）: 729-733.doi:10.13461/j.cnki.cja.006284.

［5］ 郭莉娜, 于淑颖, 王贺, 徐英春 .Sensititre YeastOne 显色药敏板与微量肉汤稀释法检测阿萨希毛孢子菌体外药物敏感性比较研究［J］. 中国真菌学杂志, 2017,12（4）:198-202.doi:10.3969/j.issn.1673-3827.2017.04.002.

GUO L N, YU S Y, WANG H, XU Y C.Comparative evaluation of Sensititre Yeast One colorimetric panel with broth microdilution methods for antifungal susceptibility testing of Trichosporon asahii isolates［J］. *Chinese Journal of Mycology*, 2017,12（4）:198-202. doi:10.3969/j.issn.1673-3827.2017.04.002.

［6］ 张筝, 赵俊杰, 李运喜, 赵敏, 刘焕奇, 刘玉庆, 吴润 . 微量肉汤稀释法药敏试验的误差分析［J］. 中国抗生素杂志, 2016,41（11）:858-864.

ZHANG Z, ZHAO J J, LI Y X, ZHAO M, LIU H Q, LIU Y Q, WU R. The testing errors of broth microdilution methods for the antimicrobial susceptibility testing［J］.*Chinese Journal of Antibiotics*,2016,41（11）:858-864.

［7］ 刘超英, 汪霞, 高洪, 严玉霖, 富国文, 赵汝 .FQs 耐药基因 aac（6'）-Ib-cr 和 qnrD 及 qepA 三重 PCR 检测方法的建立及应用［J］. 中国兽医科学, 2018,48（4）:512-517.

LIU C Y, WANG X, GAO H, YAN Y L, FU G W, ZHAO R. Establishment and application of detection methods for FQs-resistance genes aac（6'）-Ib-cr,qnrD and qepA in bacteria by multi-PCR［J］. *Chinese Veterinary Science*,2018,48（4）:512-517.

［8］ BOGAERTS P, CUZON G, EVRAPRD S, HOEBEKE M. Evaluation of a DNA microarray for rapid detection of the most prevalent extended-spectrum β-lactamases, plasmid-mediated cephalosporinases and carbapenemases in Enterobcteriaceae, Pseudomonas and Acinetobacter［J］. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 2016, 48（2）:189-193.

［9］ 卢宏涛, 张秦川 . 深度卷积神经网络在计算机视觉中的应用研究综述［J］. 数据采集与处理, 2016,31（1）:1-17. doi:CNKI:SUN:NCJI.0.2017-14-193.

LU H T, ZHANG Q C. Applications of Deep Convolutional Neural Network in Computer Vision［J］. *Journal of Data Acquisition and Processing*,2016,31（1）:1-17. doi:CNKI:SUN:NCJI.0.2017-14-193.

［10］ LU C, KRISHNA R, BERNSTEUN M. Visual Relationship Detection with Language Priors//European Conference on Computer Vision［C］. Springer International Publishing, 2016.doi:10.1007/978-3-319-46448-0_51.

［11］ 孙志军, 薛磊, 许阳明, 王正.深度学习研究综述［J］.计算机应用研究, 2012,29（08）:2806-2810.doi:CNKI:SUN:JSYJ.0.2012-08-003.

SUN Z J, XUE L, XU Y M, WANG Z. Overview of deep learning［J］. *Application Research of Computers*,2012,29（8）:2806-2810. doi:CNKI:SUN:JSYJ.0.2012-08-003

［12］ KRIZHEVSKY A,SUTSKEVER I,HINTON G. E.Imagenet classfication with deep convolutional neural networks//Advances in neural information processing systems［C］. Cambridge: MIT Press.2012: 1097-1105.doi:10.1145/3065386.

［13］ ZHEN D, W YUWEI, PEI M T. Vehicle type classification using unsupervised convolutional neural network［J］. *IEEE Transactions on Intelligent Transportation Systems*, 2015, 16（4）:1-10.doi:10.1109/TITS.2015.2402438.

［14］ HOWARD A G, ZHU M, CHEN B, KALENICHENKO D. MobileNets: Efficient convolutional neural networks for mobile vision applications［J/OL］.（2017-4-17） https://arxiv.org/abs/1704.04861.

［15］ ABADI M, BARHAM P, CHEN J, CHEN Z, DAVIS A. TensorFlow: a system for large-scale machine learning［J/OL］.（2016-5-27）https://arxiv.org/abs/1605.08695.

［16］ JIA Y, SHELHAMER E, DONAHUE J, KARAYEV S, LONG J. Caffe: Convolutional Architecture for Fast Feature Embedding//Proceedings of the 22nd ACM international conference on Multimedia［C］. ACM, 2014.doi:10.1145/2647868.2654889.

［17］ KETKAR N. Introduction to PyTorch//Deep Learning with Python［C］. 2017.doi:10.1007/978-1-4842-2766-4_12.

（责任编辑　崔建勋）