

中图法分类号: TP18; TP391.4 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(2026)04-1172-12

论文引用格式: Liu H, Xiong L, Fan X Y, Zhang L and Qi H G. 2026. Source-free domain adaptation model to classify chromosomes with a karyotype resolution discrepancy. Journal of Image and Graphics, 31(4): 1172-1183(刘辉, 熊链, 范心宇, 张林, 齐洪钢. 2026. 差异核型分辨率染色体无源域适应分类. 中国图象图形学报, 31(4): 1172-1183)[DOI: 10.11834/jig.250271]

差异核型分辨率染色体无源域适应分类

刘辉¹, 熊链¹, 范心宇¹, 张林¹, 齐洪钢^{2*}

1. 中国矿业大学信息与控制工程学院, 徐州 221116; 2. 中国科学院大学计算机科学与技术学院, 北京 100049

摘要: 目的 染色体分类是核型分析的关键步骤。然而, 由于显带技术、采集设备等不同, 染色体显微图像呈现特征分布差异, 导致不同数据集间的知识迁移受限, 其中以显带数目不同导致的核型分辨率差异影响最为显著。方法 提出双重置信度伪标签引导的渐进式差异核型分辨率染色体无源域适应分类方法(bi-confidence pseudo label guided source-free domain adaptation for chromosome classification with karyotype resolution discrepancy, BCPL-SFDA), 重点解决差异核型分辨率染色体的知识迁移和因染色体固有的类内差异大、类间差异小典型特点带来的分类挑战。具体地, 该方法采用双分支设计框架, 保留源域深层语义先验和浅层纹理、形态表征的同时, 实现源域与目标域特征空间的渐进式对齐, 可有效缓解核型分辨率差异导致的知识迁移难题; 同时, 提出双重置信度类中心伪标签策略, 结合高、低置信度样本, 增强模型对易混淆样本的区分能力。结果 在不同核型分辨率的公开数据集 CIR-Net(chromosome based on inception-ResNet)和私有数据集 Private 上开展跨域分类实验, 与 10 种先进的域适应方法相比取得了显著的性能提升。其中, 在 CIR-Net→Private 跨域任务上准确率较次优算法 DANN(domain adversarial training of neural network)提升了 9.97%, 在 Private→CIR-Net 任务上较次优算法 H-SRDC(a hybrid model of structurally regularized deep clustering)提升了 1.17%。同时通过消融实验验证了双分支设计框架和伪标签策略的有效性。结论 BCPL-SFDA 方法不仅能有效提高不同核型分辨率染色体图像之间的迁移识别能力, 还能优化染色体类内类间特征的提取, 进而提升其无源域适应分类的性能。

关键词: 染色体分类; 无源域适应; 差异核型分辨率; 显微图像; 隐私保护

Source-free domain adaptation model to classify chromosomes with a karyotype resolution discrepancy

Liu Hui¹, Xiong Lian¹, Fan Xinyu¹, Zhang Lin¹, Qi Honggang^{2*}

1. School of Information and Control Engineering, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221116, China;

2. School of Computer Science and Technology, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

Abstract: Objective Karyotype analysis has always been the gold standard for detecting fetal chromosomal abnormalities. As one of its core steps, chromosome classification is the premise of subsequent anomaly recognition. The traditional chromosome classification mainly relies on the manual operation of karyotype experts. However, this approach is inefficient and has strong subjectivity. Thus, high-performance automatic classification methods must be urgently developed. Although remarkable progress has been made in automatic classification methods based on deep learning, the approaches often rely

收稿日期: 2025-06-27; 修回日期: 2025-10-14; 预印本日期: 2025-10-21

* 通信作者: 齐洪钢 hgqi@ucas.ac.cn

基金项目: 徐州市重点研发计划资助(KC22112)

Supported by: Key R&D Program of Xuzhou(KC22112)

heavily on large-scale labeled datasets and the assumption that the training and test sets are independent and identically distributed. In clinical practice, the distribution of chromosome data from different sources varies significantly because of the high cost of chromosome data annotation and the differences in banding technique and acquisition equipment. Domain adaptation methods, which can transfer the knowledge of the labeled source domain to the unlabeled target domain data, provide a solution for this issue. However, common domain adaptation methods require access to source domain and target domain data. This approach cannot easily meet the increasingly strict requirements of data privacy protection in the context of medical systems. In addition, the difference in karyotype resolution caused by a different number of chromosome bands is the main factor leading to the decline of cross-domain knowledge transfer performance of chromosomes. In response to these issues, we propose a bi-confidence pseudo-label guided source-free domain adaptation for chromosome classification with karyotype resolution discrepancy (BCPL-SFDA). **Method** The overall framework of BCPL-SFDA is divided into two stages: source domain model training and target domain model training. In the training stage of the source domain model, the model is pretrained with labeled source domain data, and the basic characteristics and discriminant ability of chromosome classification are obtained. In the training stage of the target domain model, the pretrained source domain model is used to initialize the network weight, and then transfer learning is carried out on the unlabeled target domain data. In this study, a deep and shallow double-branch feature retention mechanism for karyotype resolution discrepancy is constructed. This mechanism is different from the traditional classification model, which only relies on the last layer of deep features for classification. The mechanism in this study combines deep and shallow features to obtain transferable knowledge at different levels of the source domain. It retains the deep semantic prior of the source domain and the shallow texture and shape representation. It also realizes the progressive alignment of the feature space of the source domain and the target domain. The understanding and recognition ability of the model to differential resolution chromosome images are significantly enhanced. Furthermore, a bi-confidence class-centric pseudo label (BCCPL) strategy, which aims at the typical characteristics of large intraclass variation and small interclass variation of chromosome data, is proposed. It combines high and low confidence samples to explore the intraclass diversity and interclass distinctions of chromosomes thoroughly. **Result** In this study, two G-band chromosome datasets with different resolutions, chromosome based on inception-ResNet (CIR-Net) and Private, are used. First, we compare these datasets using 10 domain adaptation methods. For Private→CIR-Net tasks, the classification accuracy of the proposed method reaches 96.11%, which is 1.17% higher than that of the optimal domain adaptation method — a hybrid model of structurally regularized deep clustering (H-SRDC) and 6.76% higher than that of the optimal source-free domain adaptation method — source hypothesis transfer (SHOT). In CIR-Net→Private tasks, the proposed method achieves significant advantages: compared with the second-best domain adversarial training of neural networks (DANN) method, the proposed method shows an improvement of 9.97%. Experimental results show the significant performance advantages of the proposed method. Second, the ablation experiments are performed to demonstrate the effectiveness of each component. We compare the performance of different branch number feature retention mechanisms, and the double-branch feature retention mechanism achieves the best accuracy. In gradient weighted class activation mapping (Grad-CAM) visualization, shallow and deep features are extracted by this mechanism, which realizes dual attention to the overall chromosome structure and local details. We also verify the effectiveness of the loss function Lsim. The BCCPL strategy effectively improves the learning ability of the model under complex data distribution. Finally, the limitations of this method on short chromosomes are discussed through visual analysis. **Conclusion** A source-free domain adaptation BCPL-SFDA for chromosome classification is proposed in this paper to solve the problem of cross-domain chromosomal karyotype resolution discrepancy and the inherent characteristics of chromosome data with large intraclass differences and small interclass differences. In particular, BCPL-SFDA adopts a dual-path framework, which preserves the deep semantic prior of the source domain and the shallow texture and morphological representation. It also realizes the progressive alignment of the feature space between the source domain and the target domain, thereby effectively overcoming the performance limitation of single-layer features when dealing with karyotype resolution discrepancy. Moreover, the BCCPL strategy is designed to combine high and low confidence samples and generate reliable pseudo-labels through multicenter prototype clustering. Thus, the attention of the model to easily confused samples is enhanced, and the performance of the model is improved. Results of cross-domain classification on two chromosome datasets with different resolutions demonstrate that

this method can effectively enhance the recognition capability for transferring between chromosome images of different resolutions. Moreover, it can optimize the extraction of intraclass and interclass features and improve the performance of cross-domain chromosome classification. In the future, fine-grained feature extraction of short and small chromosomes can be studied to solve the limitations of such methods. This study can provide an important reference for further improving the performance of the model in cross-resolution chromosome classification tasks.

Key words: chromosome classification; source-free domain adaptation; karyotype resolution discrepancy; microscopic image; privacy protection

0 引言

核型分析能够识别分裂中期细胞中染色体的数目、形态及结构等异常(Chen等,2024;Somasundaram等,2023),已成为胎儿染色体异常检测的金标准(Chang等,2024)。染色体分类作为核型分析的核心环节之一,需将细胞中的染色体准确编号并归类(Somasundaram等,2025;Wang等,2024b),为后续异常识别提供基础。传统的染色体分类主要依赖核型专家手工完成,效率受限且存在较强的主观性(罗纯龙和赵屹,2023;Wang等,2024a),亟需开发高性能自动化分类方法。

深度学习技术在染色体自动分类领域取得显著进展(Kang等,2024;Song等,2021)。如,Lin等人(2022)基于Inception-ResNet(inception residual network)架构提出CIR-Net(chromosome based on inception-ResNet)网络,在自建数据集上获得95.98%的分类准确率;Qin等人(2019)基于深度卷积神经网络提出Varifocal-Net结构,在87 831幅染色体数据上准确率达到99.2%;张林等人(2024)提出基于网格重构学习的染色体分类模型,结合局部和全局特征改善染色体柔性弯曲导致的类内差异大、类间差异小的问题;Liu等人(2022)提出的SRAS-Net(super-resolution with self-attention negative feedback network)方法采用两阶段策略,首先通过超分辨率技术提高低分辨率染色体图像质量,再进行分类,最终获得了97.55%的准确率。易序晟等人(2023)构建了126 453条染色体的数据集,在6个主流染色体分类模型上分类准确率均达到92%以上。然而,上述方法严重依赖大规模标注数据,且假设训练、测试集独立同分布。临床实践中,由于显带技术、采集设备等差异,不同来源的染色体数据分布差异显著,导致跨域知识迁移性能严重下降(李佳熿

等,2024;Wu等,2024)。其中,显带数目不同导致的核型分辨率差异是主要因素之一。

针对上述问题,学者们提出了一系列域适应方法。如,Li等人(2024a)通过分布对齐和域内局部结构一致性保持,构建自适应分类器,并将其应用于结肠组织病理学中的癌症识别;He等人(2023)通过引导特征提取器获得域共享且可判别的语义表示,有效缩减源域和目标域之间的差异,并将其应用于心律失常的诊断;Zhang等人(2024b)提出一种仿真数据驱动的对抗域适应方法,并将其应用于智能故障诊断;应翔等人(2023)引入元优化策略,提出了多级对抗域自适应网络,提升了多源甲状腺超声影像分类任务的性能;Zhang等人(2024a)则整合了软伪标签学习、对抗学习和角度分类学习策略,实现了跨域染色体图像分类的性能提升。然而,上述方法需要直接同时访问源域和目标域(Fang等,2024;He等,2024;Li等,2024b),这一限制难以满足医疗系统背景中对数据隐私保护日益严格的要求。此外,上述方法也未完全考虑染色体的核型分辨率差异进行设计,相应的跨域分类性能仍然受限。

为此,本文提出了一种双置信度伪标签引导的渐进式差异核型分辨率染色体无源域适应分类方法。该算法结合深、浅层双分支特征获取源域不同层次的可迁移知识,增强对差异分辨率图像的识别与理解;同时,针对染色体类内多样性,设计双置信度类中心伪标签(bi-confidence class-centric pseudo label, BCCPL)策略,建立多中心原型聚类算法,以有机融合高、低置信度样本的特征,提高模型对染色体的区分能力。

具体地,本文主要贡献如下:1)提出了一种无源域适应染色体分类方法BCPL-SFDA(bi-confidence pseudo label guided source-free domain adaptation for chromosome classification with karyotype resolution discrepancy),通过构建深浅层双分支特征保留机

制,充分挖掘网络不同层级的源域信息,增强可迁移知识的多样性,提升模型在差异分辨率染色体图像上的分类鲁棒性;2)设计了BCCPL策略,针对染色体类内差异大、类间差异小的特点,通过区分高、低置信度样本进行多中心原型聚类,提高了模型对易混淆样本的关注度,增强了类间可辨别特征的提取;3)与10种先进的域适应方法相比,本文所提方法在多个数据集上均获得更优的性能,为差异分辨率输入的无源域适应任务提供了新的思路。

1 问题定义

本文假设,源域数据表示为 $D^s = \{x_i^s, y_i^s\}_{i=1}^{n^s}$,表示第 i 个源域样本, y_i^s 表示该样本对应的源域标签, n^s 为源域数据的样本总数;目标域数据不提供标签,表示为 $D^t = \{x_i^t\}_{i=1}^{n^t}$,表示第 i 个目标域样本, n^t 为目标域数据的样本总数。源域 D^s 和目标域 D^t 分别来自不同的分布 $P^s(x, y)$ 和 $P^t(x, y)$, $P^s(x, y) \neq P^t(x, y)$,二者共享标签空间 $C \in \{1, 2, \dots, K\}$, K 为类别数。在传统的无监督域适应任务中,知识迁移阶段可同时访问源域 D^s 和目标域 D^t ;而在无源域适应任务中,仅能获得基于 D^s 预训练的模型,无法直接访问源域数据 D^s 。因此,本文的研究目标即为:基于源域预训练的模型和目标域数据 D^t ,学习一个在目标域上表现良好的分类模型,在无须访问源域数据的前提下实现知识跨域迁移。

2 方法

2.1 整体结构

BCPL-SFDA的整体框架分为源域模型训练和目标域模型训练两个阶段,如图1所示。在源域模型训练阶段,利用有标注源域数据预训练模型,获得染色体分类的基础判别性特征;在目标域模型训练阶段,使用预训练的源域模型初始化网络权重,而后迁移至无标注的目标域进行学习。同时,针对染色体数据类内差异大、类间差异小的问题,本文设计了BCCPL策略,通过阈值 $T = \{T^1, T^2, \dots, T^K\}$ 将每类目标域样本区分为高置信度样本和低置信度样本,并采用多中心原型聚类方法分别生成强中心和弱中心,从而为目标域样本分配强伪标签和弱伪标签。

最终,通过融合高低置信度样本的特征,提升模型对目标域数据的适应性。

2.2 源域模型训练

在源域模型训练阶段,本文通过有标注的源域数据监督学习。针对传统分类模型仅依赖深层特征决策的局限,本文发现随着网络层次的加深,局部细节特征逐层流失,导致深层特征对细节的表征能力下降,该现象在低分辨率染色体图像分析中尤为显著。为有效提升模型对差异分辨率染色体数据的跨域适应能力,本文构建双分支特征融合分类网络,通过建立特征互补机制,兼顾全局语义理解和局部细节辨识,提升特征提取的泛化性。具体地,如图1所示,假设 L_i 表示网络中的第 i 层,则 L_3 和 L_4 的输出特征分别记为 F_1 和 F_2 ,经过分类器 C_1 和 C_2 即可输出预测概率 p_1^s 和 p_2^s 。

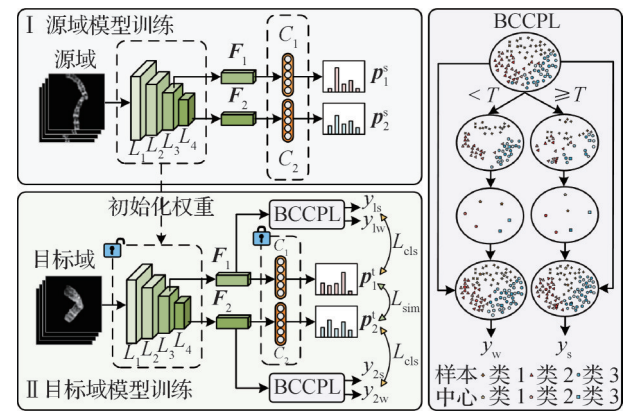


图1 BCPL-SFDA整体网络结构

Fig. 1 Overall network structure of BCPL-SFDA

为提高预训练模型的泛化能力,本文采用标签平滑的交叉熵损失进行训练,以避免模型训练时过度关注个别标签导致过拟合,具体为

$$L_{\text{cls}}(D^s) = -\mathbb{E}_{(x^s, y^s) \in D^s} \hat{q} \log(p_1^s) - \mathbb{E}_{(x^s, y^s) \in D^s} \hat{q} \log(p_2^s) \quad (1)$$

$$\hat{q} = q(1 - \alpha) + \alpha/K \quad (2)$$

式中, \hat{q} 是平滑标签, q 表示标签的one-hot编码, K 表示类别总数, α 表示平滑参数。

2.3 目标域模型训练

针对源域数据无法直接访问的约束,本文提出在目标域模型训练阶段,基于预训练源域模型权重初始化目标域参数的架构,构建深浅层双分支特征保留机制:首先,冻结双分类器 C_1 和 C_2 权重,实现源域先验知识的有效迁移;随后,利用无标签目标域数据对特征提取器进行目标域驱动的渐进式优化。训

练过程中,使用上一次迭代生成的伪标签监督模型当前迭代的优化,通过多轮迭代,模型在训练过程中渐进式地优化深层和浅层特征的提取,进而隐式地对齐源域和目标域的特征空间。双分支的设计框架既同时保留了源域的深层语义先验和浅层纹理、形态表征,又实现了源域与目标域特征空间的渐进式对齐,显著增强了模型对差异分辨率染色体图像的解析能力。

此外,本文采用信息最大化损失优化目标域模型,隐式地减小域间分布差异,增强目标域输出的确定性,进而提升样本的可分离性,具体为

$$L_{\text{ent}} = -\mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} \mathbf{p}_1^i \log(\mathbf{p}_1^i) - \mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} \mathbf{p}_2^i \log(\mathbf{p}_2^i) \quad (3)$$

式中, $\mathbf{p}_1^i, \mathbf{p}_2^i$ 分别表示浅层和深层分类器对目标域数据的分类预测概率。

同时,为了增强网络中深、浅层特征分类预测的一致性,本文还通过交叉熵损失对两分支的预测结果进行对称性约束,优化类别预测的一致性

$$L_{\text{sim}} = -\mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} \mathbf{p}_1^i \log(\mathbf{p}_2^i) - \mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} \mathbf{p}_2^i \log(\mathbf{p}_1^i) \quad (4)$$

2.4 双重置信度类中心伪标签策略

既有的类平衡动态多中心原型策略(a class-balanced multicentric dynamic prototype strategy, BMD)(Qu等,2022)利用高置信度样本提升伪标签质量,但因忽略了低置信度样本的作用,导致模型过度关注易区分样本,忽略易混淆样本。这在类内差异较大、类间差异小的染色体分类任务中尤为明显,导致类间边界模糊。针对该问题,本文基于BMD的理论基础,提出BCCPL策略,同时利用高、低置信度样本进行多中心原型聚类,增强模型对易混淆样本的关注,提升类内多样性。

具体地,首先进行全局类均衡抽样,按照样本的分类置信度降序排列,选取每类相同数量的样本,以降低类内噪声;然后对每类样本的置信度求平均,得到该类别的置信度阈值 T^k ,大于 T^k 的样本划分为高置信度样本 \mathcal{X}_s^k ,小于 T^k 的样本划分为低置信度样本 \mathcal{X}_w^k 。具体为

$$T^k = \frac{\sum_{i=1}^{n^k} 1(y_i = k) p_i^k}{\sum_{i=1}^{n^k} 1(y_i = k)} \quad (5)$$

式中, k 表示样本的类别, p_i^k 表示第 i 个样本在第 k 类的预测概率, $1(y_i = k)$ 是指示函数,当满足 $y_i = k$, 即伪标签为 k 时返回 1, 否则返回 0。

接着,对每类高、低置信度样本执行 K 均值聚类,为每类样本选取多个代表性的原型,获取强中心 $\{\mathbf{c}_{sj}^k\}_{j=1}^m$ 和弱中心 $\{\mathbf{c}_{wj}^k\}_{j=1}^m$, 以有效描述类内多样性,即

$$\{\mathbf{c}_{sj}^k\}_{j=1}^m = \text{Kmeans}(g_t(\mathbf{x}_i^i))_{\mathbf{x}_i^i \in \mathcal{X}_s^k} \quad (6)$$

$$\{\mathbf{c}_{wj}^k\}_{j=1}^m = \text{Kmeans}(g_t(\mathbf{x}_i^i))_{\mathbf{x}_i^i \in \mathcal{X}_w^k} \quad (7)$$

式中, \mathbf{c}_{sj}^k 表示高置信度样本的第 j 个类别为 k 的原型, \mathbf{c}_{wj}^k 表示低置信度样本的第 j 个类别为 k 的原型, m 为每个类别的原型数量, g_t 为特征提取器,聚类初始,随机选取 m 个样本作为 K 均值的聚类中心。

最后,计算样本与这些原型的距离,生成强伪标签 y_s 和弱伪标签 y_w , 并分配不同的权重进行目标域样本学习,具体为

$$y_s = \arg \max_k \frac{\max_{1 \leq j \leq m} (\exp(g_t(\mathbf{x}^i) \cdot \mathbf{c}_{sj}^k))}{\sum_{l=1}^K \max_{1 \leq j \leq m} (\exp(g_t(\mathbf{x}^i) \cdot \mathbf{c}_{lj}^l))} \quad (8)$$

$$y_w = \arg \max_k \frac{\max_{1 \leq j \leq m} (\exp(g_t(\mathbf{x}^i) \cdot \mathbf{c}_{wj}^k))}{\sum_{l=1}^K \max_{1 \leq j \leq m} (\exp(g_t(\mathbf{x}^i) \cdot \mathbf{c}_{lj}^l))} \quad (9)$$

本文在 L_3 层和 L_4 层均采用 BCCPL 策略提取强伪标签 y_{1s}, y_{2s} 和弱伪标签 y_{1w}, y_{2w} , 提升模型的类内识别能力和类间可辨别能力。其中,强伪标签对应的损失函数 L_{cls_s} 和弱伪标签对应的损失函数 L_{cls_w} 为

$$L_{\text{cls}_s} = -\mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} y_{1s} \log(\mathbf{p}_1^i) - \mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} y_{2s} \log(\mathbf{p}_2^i) \quad (10)$$

$$L_{\text{cls}_w} = -\mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} y_{1w} \log(\mathbf{p}_1^i) - \mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} y_{2w} \log(\mathbf{p}_2^i) \quad (11)$$

此外,为充分利用在优化过程中更新的网络,在每个批次内采用指数移动平均的方式更新原型,从而获得更新的伪标签 y'_1 和 y'_2 , 并通过对称交叉熵损失提高噪声容限。具体为

$$L_{\text{dym}} = -\mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} y'_1 \log(\mathbf{p}_1^i) - \mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} \mathbf{p}_1^i \log(y'_1) - \mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} y'_2 \log(\mathbf{p}_2^i) - \mathbb{E}_{\mathbf{x}' \in D'} \mathbf{p}_2^i \log(y'_2) \quad (12)$$

2.5 损失函数

本文的总损失函数为

$$L = \alpha_1 L_{\text{sim}} + \alpha_2 L_{\text{cls}_s} + \alpha_3 L_{\text{cls}_w} + \alpha_4 L_{\text{ent}} + \alpha_5 L_{\text{dym}} \quad (13)$$

式中, α_i 分别为每个损失对应的权重,通过权重自学习的方法确定。具体地,将权重 α_i 添加到可学习的网络参数 $\omega_T = (\theta_T, \alpha_T)$ 中,并加入正则项平衡损失权重。其中, θ_T 为特征提取器 g_t 中所有 Batch Normalization 层的缩放因子和偏移因子,由预训练源域模型初始化,其余网络参数均冻结; α_T 为损失函数权重的参数,通过随机梯度下降算法进行优化。最终损失函数为

$$L_T = \sum_{\tau \in T} \frac{1}{2 \cdot \alpha_\tau^2} \cdot L_\tau + \ln(1 + \alpha_\tau^2) \quad (14)$$

式中, L_τ 分别取 L_{sim} 、 L_{cls_s} 、 L_{cls_w} 、 L_{ent} 、 L_{dym} 。

3 实验与结果分析

3.1 数据集

本文在两个不同分辨率的G带染色体数据集上进行实验评估。如图2所示,图2(a)为高分辨率公开数据集 CIR-Net(Lin 等, 2022), 共包含来自32名男性和33名女性的2 986幅染色体图像, 图像尺寸为 224×224 像素; 图2(b)为低分辨率私有数据集, 记为 Private, 共包含来自553名男性和342名女性的41 109幅染色体图像, 图像尺寸为 224×224 像素。实验时均按8:2的比例随机划分为训练集和测试集。

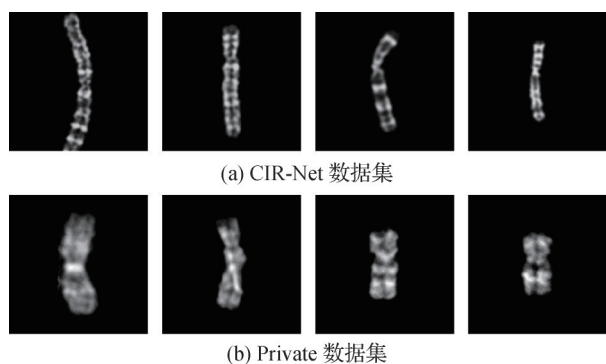


图2 CIR-Net 和 Private 数据集示例

Fig. 2 Examples of CIR-Net and Private datasets
((a) CIR-Net dataset; (b) Private dataset)

3.2 实验设置

实验硬件配置采用 Intel(R) Xeon(R) W-2175 CPU@2.50 GHz 及 NVIDIA GeForce RTX 2080 Ti GPU, 软件环境基于 Python, 使用 PyTorch 1.12.1 深度学习框架实现。

实验采用 ResNet-50 作为特征提取的骨干网络。实验批次大小设置为 64, 共训练 30 轮, 采用随机梯度下降法 (stochastic gradient descent, SGD) 优化器, 动量系数设置为 0.9, 初始学习率为 0.01。伪标签策略中, 每类样本的聚类中心数设置为 4。标签平滑技术中, 平滑参数设置为 0.1。

3.3 不同方法性能对比

为验证所提方法的有效性, 将其与 10 种域适应方法进行比较。其中, 动态对抗自适应方法 DAAN (dynamic adversarial adaptation network) (Yu 等,

2019)、批量核范数最大化方法 BNM (batch nuclear-norm maximization) (Cui 等, 2020)、蒸馏判别聚类无监督域适应方法 DisClusterDA (distilled discriminative clustering for domain adaptation) (Tang 等, 2022a)、深度子域自适应方法 DSAN (deep subdomain adaptation network) (Zhu 等, 2021)、染色体结构域自适应方法 chromEDA (chromosome classification by ensemble framework based domain adaptation) (Zhang 等, 2024a)、结构正则化深度聚类混合无监督域自适应方法 H-SRDC (a hybrid model of structurally regularized deep clustering) (Tang 等, 2022b) 和域对抗网络 DANN (Ganin 等, 2016) 为有源域适应方法, 基于源假设转移的方法 SHOT (source hypothesis transfer) (Liang 等, 2020)、基于原型特征补偿的方法 PFC (prototypical feature compensation) (Pan 等, 2025) 和基于类平衡动态多中心原型策略的方法 BMD (Qu 等, 2022) 为无源域适应方法。以分类准确率作为评价指标, 本文开展 CIR-Net→Private 和 Private→CIR-Net 的域适应任务, 结果如表 1 所示。其中, Source-free 是指目标域数据训练时是否访问源域数据, Source only 一行表示未使用任何域适应策略, 直接将源域模型应用至目标域的分类结果。

可以看出, 本文方法在跨域染色体分类任务中取得了显著的性能提升。在 Private→CIR-Net 任务上, 本文方法的分类准确率达到 96.11%, 较最优的有源域适应方法 H-SRDC 提升了 1.17%, 较最优的无源域适应方法 SHOT 提升了 6.76%。在 CIR-Net→Private 任务上, 本文方法取得了更显著的优势, 达到了 73.58% 的准确率, 较次优的 DANN 方法提升了 9.97%。这种性能上的优势归因于, 与已有域适应方法相比, BCPL-SFDA 降低了对单层特征的域对齐的依赖, 且考虑了图像分辨率差异对特征表示的影响。具体而言, 当源域数据分辨率较高时, 已有方法倾向于依据更精细的图像信息进行分类, 当迁移至低分辨率目标域数据集时, 深层特征提取将面临关键细节信息损失, 导致分类性能显著下降; 而双分支设计框架, 同时利用深层和浅层特征进行分类, 能够保留分辨率较低的目标域数据更多的浅层信息, 一定程度上弥补深层特征细节损失的问题, 从而有效改善高分辨率数据向低分辨率数据的迁移性能。

另外, 从表 1 中还观察到 Private→CIR-Net 的分类准确率显著高于 CIR-Net→Private, 这是由于数据

表1 不同域适应方法在分类准确率上的表现

Table 1 The performance of different domain adaptation methods on classification accuracy

方法	Source-free	CIR-Net→Private	Private→CIR-Net
Source only		22.19	67.12
DAAN	×	17.74	76.22
BNM	×	23.51	75.38
DisClusterDA	×	41.67	89.04
DSAN	×	42.08	90.05
chromEDA	×	49.12	89.81
H-SRDC	×	51.64	<u>94.94</u>
DANN	×	<u>63.61</u>	88.36
SHOT	√	37.06	89.35
PFC	√	51.17	88.53
BMD	√	52.46	88.02
BCPL-SFDA(本文)	√	73.58	96.11

注:加粗、下划线字体表示各列最优、次优结果。“√”和“×”分别表示使用和未使用。

集规模差异所致,Private数据集数量远大于CIR-Net数据集,当Private作为源域时,模型能够从更大规模的训练数据中学习更具泛化能力的特征表示,从而在目标域CIR-Net上表现出更强的适应性。

为进一步证明所提方法的有效性,本文在域适应任务CIR-Net→Private上利用t分布随机邻域嵌入(t-distributed stochastic neighbor embedding, t-SNE)方法对3种域适应算法所提取的特征进行降维并可视化,如图3所示。可以看出,本文算法分类效果优于BMD和DANN方法。具体地,BMD算法未充分考虑分辨率差异引起的域间分布的偏移问题,导致其特征空间呈现显著的类别混杂现象;DANN算法通过对抗训练提取不同分辨率染色体的域不变特征,但未能充分考虑染色体类内差异大、类间差异小的固有特性,导致其在特征空间表现为各簇的决策边界明显混杂;而本文方法通过深层次双分支特征保留机制有效缓解了分辨率差异引起的负迁移问题,同时采用BCCPL策略充分考虑了染色体类内差异大、类间差异小的特点,其特征空间呈现出类内分布紧凑、类间边界清晰的特性,在特征判别能力和分类性能方面均取得了显著提升。

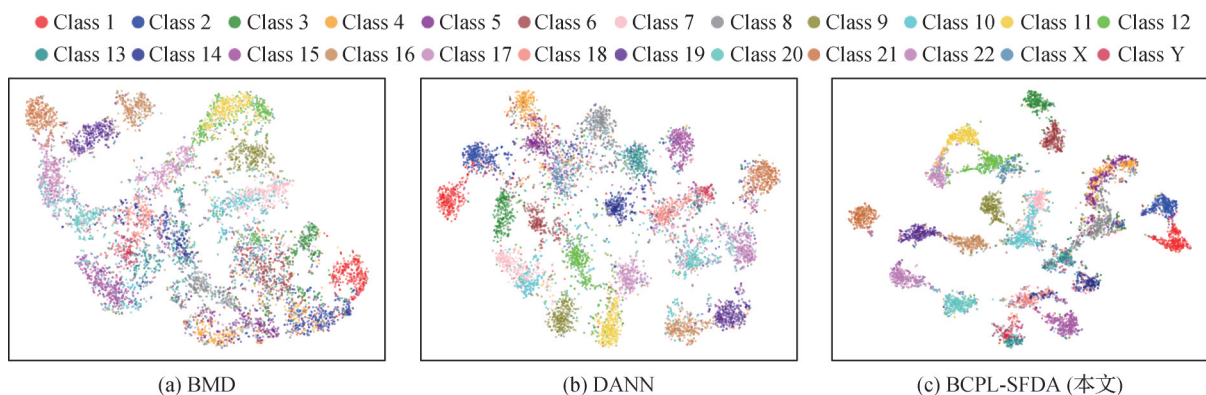


图3 CIR-Net→Private任务上不同方法的t-SNE可视化结果

Fig. 3 The visualization results of t-SNE of different methods on the CIR-Net→Private task ((a) BMD; (b) DANN; (c) BCPL-SFDA (ours))

3.4 消融实验

为确定特征保留机制的最佳分支数目,本文首先对不同分支数目特征保留机制的性能差异展开对比,如表2所示。结果表明,双分支的设计框架可获得最理想的效果,在CIR-Net→Private和Private→CIR-Net任务上的分类准确率分别为69.64%和94.49%;单分支框架由于特征提取层次单一,难以充分捕获跨分辨率特征表示;而三分支框架虽然增

加了更浅层的特征对齐,但浅层网络主要提取边缘、纹理等低级特征,其引入的冗余噪声反而降低了模型性能。因此,本文最终采用双分支特征保留机制,既能弥补深层特征的细节丢失问题,也能减少浅层冗余信息的干扰。

为进一步解释深浅层双分支特征保留机制的有效性,本文在CIR-Net→Private跨域分类任务上进行了Grad-CAM (gradient weighted class activation map-

表2 不同分支数目特征保留机制的表现

Table 2 The performance of feature retention mechanism with different branch numbers

源域→目标域	CIR-Net→Private	Private→CIR-Net	/%
单分支	52.46	88.02	
双分支(本文)	69.64	94.49	
三分支	55.42	92.03	

注:加粗字体表示各列最优结果。

ping)可视化分析。图4为不同特征保留机制分支数下对3号染色体提取的特征的注意力图。

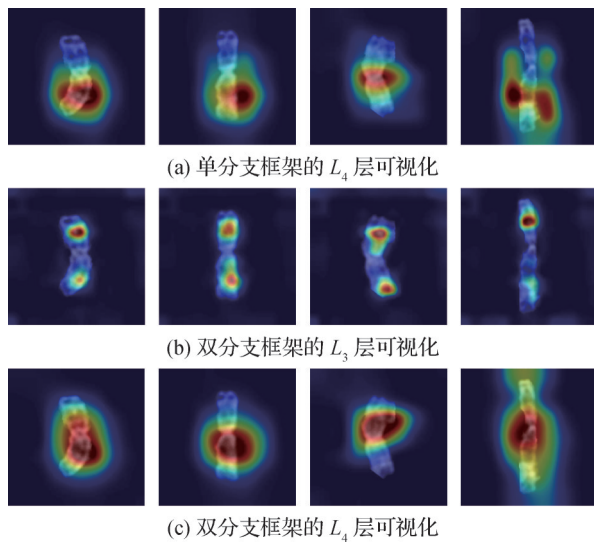


图4 CIR-Net→Private中3号染色体 Grad-CAM可视化
Fig. 4 Grad-CAM visualization of chromosome 3 on CIR-Net→Private task ((a) visualization at the L_4 layer of the single branch framework; (b) visualization at the L_3 layer of the two branch framework; (c) visualization at the L_4 layer of the two branch framework)

可以看出,单分支特征保留机制主要依赖深层特征,关注区域集中于染色体的整体结构。然而,低分辨率染色体在整体结构上高度相似,反而在局部细节上存在显著差异,导致单分支框架效果受限。相比之下,双分支特征保留机制结合浅层和深层特征,实现了对染色体整体结构和局部细节的双重关注。其中,浅层特征显著增强了模型对图像细节的识别能力。如, L_3 层特征能够捕获3号染色体的关键判别区域,特别是 p 臂和 q 臂中间的显带特征,显著提升模型的准确率。

本文额外将双分支框架的 L_3 层和三分支框架的

L_2 层提取的特征进行了注意力图的可视化,以探究表2中三分支特征保留机制性能下降的原因。如图5所示,由于三分支框架的 L_2 特征过于浅层,缺乏对整体语义信息的感知能力,导致模型将大量背景噪声误判为关键信息,表现为特征图中出现显著的背景区域激活,严重干扰染色体有效特征的提取。而双分支框架的 L_3 层在保留必要细节信息的同时,有效避免了背景噪声的干扰,从而实现了更优的特征表示。

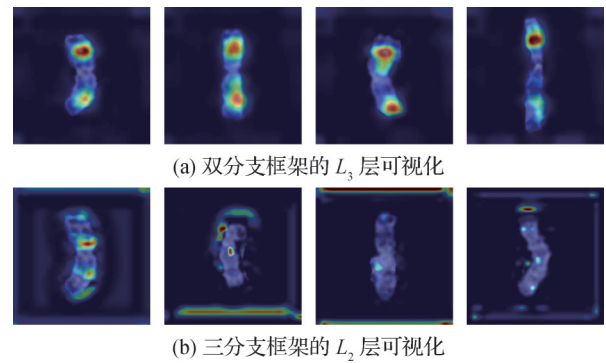


图5 CIR-Net→Private任务中3号染色体 Grad-CAM可视化
Fig. 5 Grad-CAM visualization of chromosome 3 on CIR-Net→Private task ((a) visualization at the L_3 layer of the two branch framework; (b) visualization at the L_2 layer of the three branch framework)

此外,本文开展了如表3所示的消融实验,以验证损失函数 L_{sim} 的有效性。可以看出,引入 L_{sim} 损失函数之后,模型在CIR-Net→Private和Private→CIR-Net两个域适应任务上的分类准确率分别提升了2.71%和0.5%。这是因为 L_{sim} 损失函数可实现对浅层和深层网络的预测输出相互监督,减少单层网络中噪声伪标签的影响,提高模型对噪声伪标签的鲁棒性。

表3 比较加入 L_{sim} 前后的表现

源域→目标域	CIR-Net→Private	Private→CIR-Net	/%
w/o L_{sim}	70.87	95.61	
w/ L_{sim}	73.58	96.11	

注:加粗字体表示各列最优结果。

最后,为验证BCCPL策略的有效性,本文进行了表4所示的消融实验,比较了仅使用高置信度样本获取强中心的伪标签策略、仅使用低置信度样本获取弱中心的伪标签策略以及同时结合二者的BCCPL策略等3种方法。结果表明,仅使用低置信

度样本获取的伪标签含有大量噪声和不确定性,导致其在 CIR-Net→Private 和 Private→CIR-Net 跨域任务上准确率最低;仅利用高置信度样本的策略能够获取更可靠的伪标签,但忽略了低置信度样本的作用,模型无法准确描述这些样本的概率分布,准确率次之;而 BCCPL 策略通过结合高、低置信度样本信息,在保证伪标签可靠性的同时,充分利用低置信度样本捕获类内多样性特征,显著提升了模型在复杂数据分布下的学习能力。

表4 比较不同置信度伪标签策略的效果

Table 4 Comparison of the performance of pseudo-label strategies with different confidence levels

		/%	
高置信度	低置信度	CIR-Net→Private	Private→CIR-Net
√		70.18	95.78
	√	62.40	94.24
√	√	73.58	96.11

注:加粗字体表示各列最优结果。“√”表示使用。

同时,本文对 BCCPL 策略中聚类中心的数目开展消融实验分析。不同聚类中心数在 CIR-Net→Private 和 Private→CIR-Net 跨域分类任务上的准确率如图6所示。可以看出,当聚类中心数为4时可获得最佳平均准确率,因此,本文设定聚类中心数为4。

同时可发现,当聚类中心数为1时平均准确率最低,这是因为此时每类仅选取一个聚类中心,染色体类内多样性特征提取不足,从而也辅助验证了 BCCPL 策略的有效性。

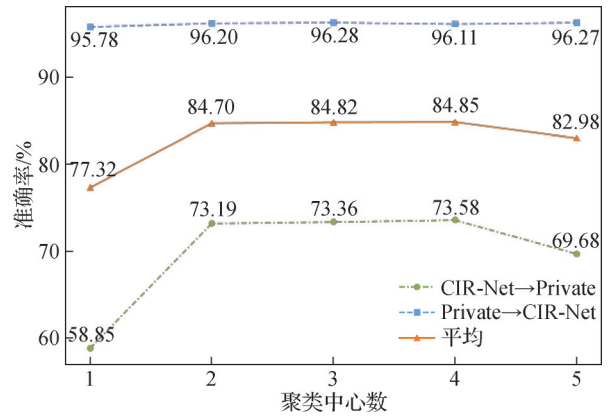
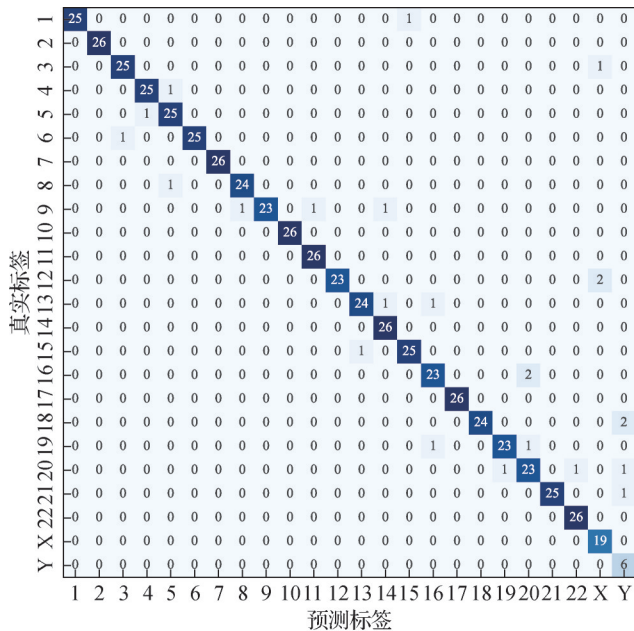


图6 BCCPL策略中不同聚类中心数的表现

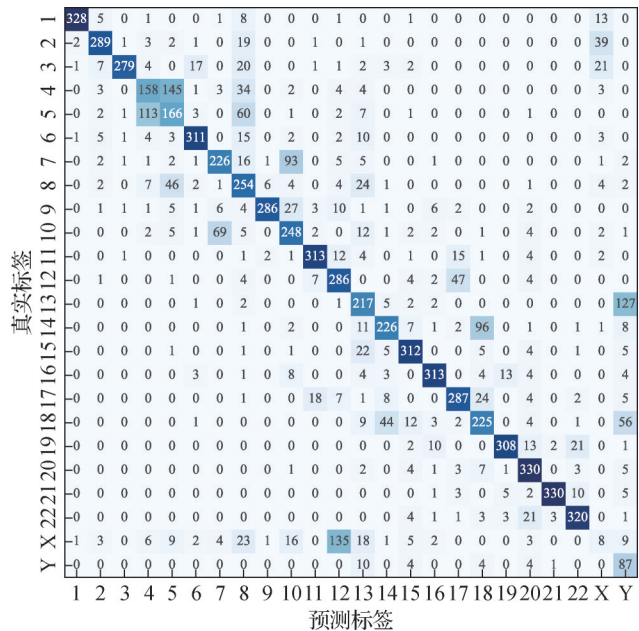
Fig. 6 The performance of different numbers of clustering centers in the BCCPL strategy

3.5 可视化分析

本文进一步通过混淆矩阵分析分类错误情况,如图7所示。在 CIR-Net→Private 任务中,大量13号染色体被错误识别为Y染色体,如图7(b)所示。通过分析正常人的G带标准核型图,如图8所示,13号染色体与Y染色体在纹理上有较高的相似性,导致识别错误。图中,p、q分别指染色体的短臂、长臂。



(a) Private→CIR-Net 任务



(b) CIR-Net→Private 任务

图7 本文方法在不同任务上的混淆矩阵

Fig. 7 Confusion matrices of our method on different tasks ((a) Private→CIR-Net task; (b) CIR-Net→Private task)

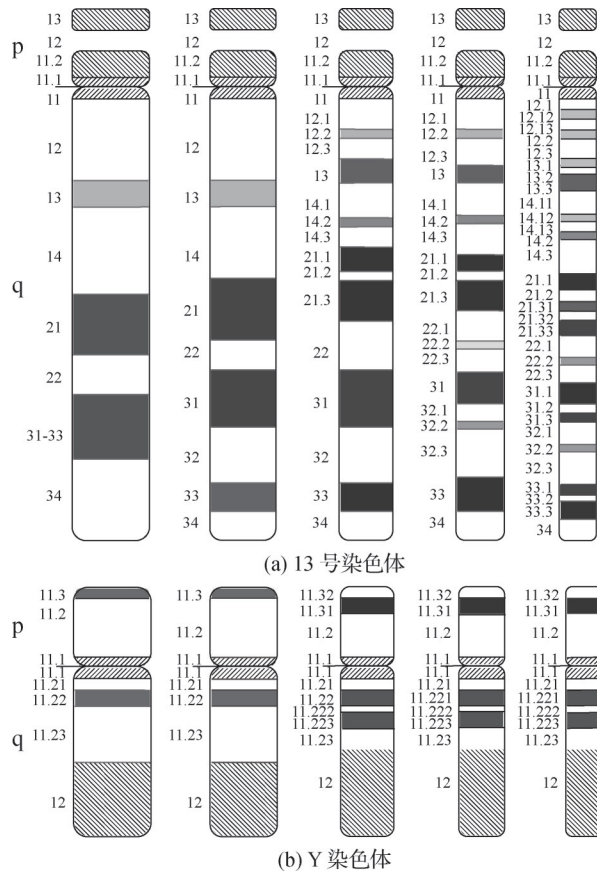


图8 13号染色体和Y染色体的标准核型图
Fig. 8 Ideograms of chromosome 13 and chromosome Y
(a) chromosome 13; (b) chromosome Y

本文进一步利用 Grad-CAM 对两类染色体的特征关注区域进行可视化分析,如图9所示。可以看出,被错分为Y染色体的13号染色体与Y染色体高度相似,且关注区域集中于q臂末端的暗纹,而该区域正是Y染色体的关键判别特征,这揭示了模型在处理局部相似特征时的局限性,同时也解释了13号染色体与Y染色体之间存在较高混淆度的原因。也就是说,本文方法在缓解分辨率差异影响的同时,削弱了染色体臂长的判别能力。当染色体臂长较短时,识别难度增加,极易与Y染色体混淆。

4 结论

本文针对跨域染色体图像分辨率差异及染色体类内差异大、类间差异小的特点,提出了一种无源域适应染色体分类方法 BCPL-SFDA。BCPL-SFDA 采用双分支的设计框架,保留源域深层语义先验和浅层纹理、形态表征的同时,实现源域与目标域特征空

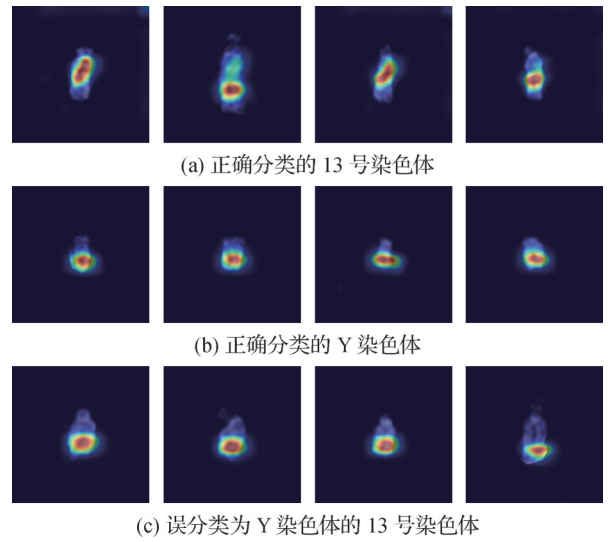


图9 CIR-Net→Private任务上 Grad-CAM可视化
Fig. 9 Grad-CAM visualization on CIR-Net→Private task
(a) the correct classification of chromosome 13;
(b) the correct classification of chromosome Y;
(c) chromosome 13 misclassified as Y chromosome

间的渐进式对齐,有效克服了单层特征在处理差异分辨率染色体时的性能局限。同时,设计 BCCPL 策略,结合高、低置信度样本,通过多中心原型聚类生成可靠的伪标签,增强模型对易混淆样本的关注度,提升模型的类内识别能力和类间判别能力。实验结果表明,本文方法在差异分辨率染色体跨域分类任务中取得了显著的性能提升,在高分辨率染色体作为源域、低分辨率染色体作为目标域的任务中,准确率提升了9.97%。此外,通过系统的消融实验验证了特征分类网络层数、损失函数以及 BCCPL 策略的有效性,充分证实了各模块对最终性能的影响。

尽管本文方法在无源域适应任务中取得了显著进展,但在处理形态特征相似的短小染色体时仍面临挑战,尤其当染色体存在显著分辨率差异时,高分辨率的短小染色体与低分辨率的正常染色体形态上难以区分,导致模型无法准确识别这些短小染色体的细粒度特征,给域适应任务增加难度。未来,可以针对短小染色体的细粒度特征提取展开研究以解决此类问题,为进一步提升模型在跨分辨率染色体分类任务中的性能提供了重要参考。

参考文献 (References)

Chang L, Wu K J, Gu C C and Chen C L. 2024. A novel end-to-end chromosome classification approach using deep neural network with

- triple attention mechanism. *Biomedical Signal Processing and Control*, 91: #105930 [DOI: 10.1016/j.bspc.2023.105930]
- Chen S Y, Zhang K C, Hu J D, Li N, Xu A, Li H Y, et al. 2024. KaryoXpert: an accurate chromosome segmentation and classification framework for karyotyping analysis without training with manually labeled metaphase-image mask annotations. *Computers in Biology and Medicine*, 177: #108601 [DOI: 10.1016/j.combiomed.2024.108601]
- Cui S H, Wang S H, Zhuo J B, Li L, Huang Q M and Tian Q. 2020. Towards discriminability and diversity: batch nuclear-norm maximization under label insufficient situations//*Proceedings of 2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. Seattle, USA: IEEE: 3940-3949 [DOI: 10.1109/CVPR42600.2020.00400]
- Fang Y Q, Yap P T, Lin W L, Zhu H T and Liu M X. 2024. Source-free unsupervised domain adaptation: a survey. *Neural Networks*, 174: #106230 [DOI: 10.1016/j.neunet.2024.106230]
- Ganin Y, Ustinova E, Ajakan H, Germain P, Larochelle H, Laviolette F, et al. 2016. Domain-adversarial training of neural networks. *Journal of Machine Learning Research*, 17(59): 1-35 [DOI: 10.1007/978-3-319-58347-1_10]
- He P, Jiao L C, Liu F, Liu X, Shang R H and Wang S. 2024. Cross-domain scene unsupervised learning segmentation with dynamic subdomains. *IEEE Transactions on Multimedia*, 26: 6770-6784 [DOI: 10.1109/TMM.2024.3355629]
- He Z Y, Chen Y F, Yuan S Y, Zhao J H, Yuan Z Y, Polat K, et al. 2023. A novel unsupervised domain adaptation framework based on graph convolutional network and multi-level feature alignment for inter-subject ECG classification. *Expert Systems with Applications*, 221: #119711 [DOI: 10.1016/j.eswa.2023.119711]
- Kang S, Han J, Lee I, Joo H, Chung Y and Yang S. 2024. Chromosome analysis method based on deep learning: counting chromosomes and detecting abnormal chromosomes. *Biomedical Signal Processing and Control*, 91: #105891 [DOI: 10.1016/j.bspc.2023.105891]
- Li J X, Liu H Y and Wan L. 2024. Survey of medical image analysis domain adaptation based on deep learning. *Application Research of Computers*, 41(5): 1291-1300 (李佳熾, 刘红英, 万亮. 2024. 基于深度学习的医学图像分析域自适应研究. *计算机应用研究*, 41(5): 1291-1300) [DOI: 10.19734/j.issn.1001-3695.2023.08.0379]
- Li P, Ni Z W, Zhu X H, Song J and Liu W T. 2024a. Unsupervised domain adaptation with local structure preservation for colon histopathological image classification. *Journal of Intelligent and Fuzzy Systems: Applications in Engineering and Technology*, 46(1): 1129-1142 [DOI: 10.3233/JIFS-234920]
- Li T B, Su Y T, Song D, Li W H, Wei Z Q and Liu A A. 2024b. Progressive fourier adversarial domain adaptation for object classification and retrieval. *IEEE Transactions on Multimedia*, 26: 4540-4553 [DOI: 10.1109/TMM.2023.3323862]
- Liang J, Hu D P and Feng J S. 2020. Do we really need to access the source data? Source hypothesis transfer for unsupervised domain adaptation//*Proceedings of the 37th International Conference on Machine Learning*. [s.l.]: JMLR: 6028-6039
- Lin C C, Zhao G S, Yang Z R, Yin A H, Wang X M, Guo L, et al. 2022. CIR-Net: automatic classification of human chromosome based on inception-resnet architecture. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 19(3): 1285-1293 [DOI: 10.1109/TCBB.2020.3003445]
- Liu X B, Fu L J, Lin J C W and Liu S. 2022. SRAS-net: low-resolution chromosome image classification based on deep learning. *IET Systems Biology*, 16(3/4): 85-97 [DOI: 10.1049/syb2.12042]
- Luo C L and Zhao Y. 2023. Review of deep learning methods for karyotype analysis. *Journal of Image and Graphics*, 28(11): 3363-3385 (罗纯龙, 赵屹. 2023. 染色体核型分析深度学习方法综述. *中国图象图形学报*, 28(11): 3363-3385) [DOI: 10.11834/jig.221094]
- Pan Z C, Yu X H, Zhang W C and Gao Y S. 2025. Overcoming learning bias via prototypical feature compensation for source-free domain adaptation. *Pattern Recognition*, 158: #111025 [DOI: 10.1016/j.patcog.2024.111025]
- Qin Y L, Wen J, Zheng H, Huang X L, Yang J, Song N, et al. 2019. Varifocal-Net: a chromosome classification approach using deep convolutional networks. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 38(11): 2569-2581 [DOI: 10.1109/TMI.2019.2905841]
- Qu S Q, Chen G, Zhang J, Li Z J, He W and Tao D C. 2022. BMD: a general class-balanced multicentric dynamic prototype strategy for source-free domain adaptation//*Proceedings of the 17th European Conference on Computer Vision*. Tel Aviv, Israel: Springer: 165-182 [DOI: 10.1007/978-3-031-19830-4_10]
- Somasundaram D, Chapparadahallimath A, Krishnan M and Madian N. 2023. A novel automated chromosome analyzer software bundle for karyotyping and birth defect analysis. *IEEE Access*, 11: 145516-145526 [DOI: 10.1109/access.2023.3344664]
- Somasundaram D, Madian N, Goh K M and Suresh S. 2025. Chromosome segmentation and classification: an updated review. *Knowledge and Information Systems*, 67(2): 977-1011 [DOI: 10.1007/s10115-024-02243-y]
- Song S F, Huang D Y, Hu Y L, Yang C X, Meng J, Ma F, et al. 2021. A novel application of image-to-image translation: chromosome straightening framework by learning from a single image//*Proceedings of the 14th International Congress on Image and Signal Processing, BioMedical Engineering and Informatics*. Shanghai, China: IEEE: 1-9 [DOI: 10.1109/CISP-BMEI53629.2021.9624383]
- Tang H, Wang Y W and Jia K. 2022a. Unsupervised domain adaptation via distilled discriminative clustering. *Pattern Recognition*, 127: #108638 [DOI: 10.1016/j.patcog.2022.108638]
- Tang H, Zhu X T, Chen K, Jia K and Chen C L P. 2022b. Towards uncovering the intrinsic data structures for unsupervised domain

- adaptation using structurally regularized deep clustering. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 44(10): 6517-6533 [DOI: 10.1109/TPAMI.2021.3087830]
- Wang C Y, Yu L M, Su J L, Shen J M, Selis V, Yang C X, et al. 2024a. Fully automatic karyotyping via deep convolutional neural networks. *IEEE Access*, 12: 46081-46092 [DOI: 10.1109/ACCESS.2024.3380829]
- Wang M Q, Lai Y, Li M H, Zhang H X and Szczerbicki E. 2024b. Toward human chromosome knowledge engine. *Cybernetics and Systems*, 55(3): 730-737 [DOI: 10.1080/01969722.2022.2162743]
- Wu A M, Yu J P, Wang Y X and Deng C. 2024. Prototype-decomposed knowledge distillation for learning generalized federated representation. *IEEE Transactions on Multimedia*, 26: 10991-11002 [DOI: 10.1109/TMM.2024.3428352]
- Yi X S, Yin A H, Huang J S, Peng J, Chen H B, Guo L, et al. 2023. Performance evaluation of mainstream chromosome recognition algorithms under deep learning. *Journal of Image and Graphics*, 28(2): 570-588 (易序晟, 尹爱华, 黄杰晟, 彭璟, 陈汉彪, 郭莉, 等. 2023. 深度学习下主流染色体分类算法的性能评估. *中国图象图形学报*, 28(2): 570-588) [DOI: 10.11834/jig.210669]
- Ying X, Liu Z, Zhu J L, Jiang H, Zhang R X and Gao J. 2023. Meta-optimized multi-adversarial domain adaptation for thyroid ultrasound image. *Journal of Image and Graphics*, 28(1): 234-247 (应翔, 刘振, 朱佳琳, 姜汉, 张瑞璇, 高洁. 2023. 甲状腺超声影像的元优化多级对抗域适应网络. *中国图象图形学报*, 28(1): 234-247) [DOI: 10.11834/jig.220454]
- Yu C H, Wang J D, Chen Y Q and Huang M Y. 2019. Transfer learning with dynamic adversarial adaptation network//*Proceedings of 2019 IEEE International Conference on Data Mining*. Beijing, China: IEEE: 778-786 [DOI: 10.1109/ICDM.2019.00088]
- Zhang L, Fan X Y, Lin K J, Qi R K, Yi X P and Liu H. 2024a. Chrom-EDA: chromosome classification by ensemble framework based domain adaptation. *Microscopy Research and Technique*, 87(4): 832-843 [DOI: 10.1002/jemt.24461]
- Zhang L, Yi X P, Wang G J, Fan X Y, Liu H and Wang X S. 2024. A grid reconstruction learning model for chromosome classification. *Acta Automatica Sinica*, 50(10): 2013-2021 (张林, 易先鹏, 王广杰, 范心宇, 刘辉, 王雪松. 2024. 基于网格重构学习的染色体分类模型. *自动化学报*, 50(10): 2013-2021) [DOI: 10.16383/j.aas.c210303]
- Zhang Y F, He Y, Tang H S, Ren Y and Xiang J W. 2024b. Adversarial domain adaptation approach for axial piston pump fault diagnosis under small sample condition based on measured and simulated signals. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, 73: #3518812 [DOI: 10.1109/TIM.2024.3385829]
- Zhu Y C, Zhuang F Z, Wang J D, Ke G L, Chen J W, Bian J, et al. 2021. Deep subdomain adaptation network for image classification. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 32(4): 1713-1722 [DOI: 10.1109/TNNLS.2020.2988928]

作者简介

刘辉,男,副教授,主要研究方向为生物信息学和医学图像处理。E-mail: hui.liu@cumt.edu.cn

齐洪钢,通信作者,男,教授,主要研究方向为视觉感知与智能视频。E-mail: hgqi@ucas.ac.cn

熊链,女,硕士研究生,主要研究方向为医学图像处理。E-mail: lian.xiong@cumt.edu.cn

范心宇,女,博士研究生,主要研究方向为医学图像处理。E-mail: xinyu.fan@cumt.edu.cn

张林,女,教授,主要研究方向为生物信息学和医学图像处理。E-mail: lin.zhang@cumt.edu.cn