

中图法分类号: 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(XXXX)XX-0001-14

论文引用格式: Liu Rong, Tang Qiling, Wang Yan, Chen Pengzhou, Shu Chang, Wang Shuai, Yue Jianchi. Adaptive context-aware and multi-granularity domain adversarial for mitosis detection in breast cancer histopathology images [J/OL]. Journal of Image and Graphics, XXXX:1-14. DOI: 10.11834/jig.260056. (刘蓉, 唐奇伶, 王艳, 陈鹏舟, 舒畅, 王帅, 乐建炽. 自适应上下文结合多粒度域对抗的乳腺癌病理图像有丝分裂检测 [J/OL]. 中国图象图形学报, XXXX:1-14. DOI: 10.11834/jig.260056.) [DOI:10.11834/jig.260056]

自适应上下文结合多粒度域对抗的乳腺癌病理图像有丝分裂检测

刘蓉, 唐奇伶, 王艳, 陈鹏舟, 舒畅, 王帅, 乐建炽

中南民族大学生物医学工程学院 湖北武汉 430074

摘要: **目的** 有丝分裂计数是评估浸润性乳腺癌恶性程度的核心量化指标,其检测精度直接关系到临床治疗决策与预后评估。近年来,无锚点检测方法采用逐像素预测的方式,结构简洁且计算效率高,在医学图像目标检测领域受到广泛关注。但由于缺乏区域聚合机制,该方法难以从背景中提取鲁棒性的、有判别性的特征,很大程度影响目标检测的性能。此外,乳腺病理图像因不同扫描设备而产生的域偏移问题,使模型在跨设备数据上性能显著下降,严重制约了模型的跨域泛化能力与临床普适性。**方法** 针对上述挑战,本文提出了一种自适应上下文特征聚合策略,通过动态聚合与目标结构相匹配的上下文信息,有效提升了特征的表达能力与判别能力。其次,为提升模型在未知域的泛化能力,设计多粒度跨域自适应模块,实现图像、前景以及类别的特征对齐,提升模型在未知域数据中对有丝分裂细胞的检测性能。**结果** 实验结果表明,所构建的网络在ICPR MITOSIS 2014数据集上达到了最优的F-score,相较于现有最先进方法提升了5.5%;同时在MIDOG 2021数据集中,取得了最高的召回率,降低了有丝分裂细胞漏检风险。**结论** 本文通过自适应上下文特征聚合策略与多粒度跨域自适应模块,有效提升了有丝分裂细胞检测的准确性与模型泛化能力,为乳腺病理图像分析提供了更可靠的解决方案。

关键词: 有丝分裂检测;自适应上下文;多粒度域对抗;类别域适应;病理图像分析

Adaptive context-aware and multi-granularity domain adversarial for mitosis detection in breast cancer histopathology images

Liu Rong, Tang Qiling, Wang Yan, Chen Pengzhou, Shu Chang, Wang Shuai, Yue Jianchi

South-Central Minzu University, Wuhan 430074, China

Abstract: Objective Mitotic count is a key quantitative indicator for evaluating the grade and prognosis of invasive breast cancer in histopathological assessment. The accuracy of its detection and statistics directly affects the clinical doctors' judgment on the proliferative activity and malignancy of the tumor, and is also related to the selection of treatment plans and the prediction of therapeutic efficacy. In recent years, The deep learning-based mitotic target detection technology plays an important role in clinical diagnosis. Existing object detection approaches can generally be categorized into anchor-based and anchor-free methods. Anchor-based detectors generate candidate regions by predefining a large number of anchor boxes with different scales and aspect ratios on feature maps, enabling relatively accurate localization. Nevertheless, the design

收稿日期:2026-01-26;修回日期:2026-03-30

*通信作者:唐奇伶 qltang@mail.scuec.edu.cn;

基金项目:中央高校基本科研业务费专项资金资助项目(项目编号:CZQ24015)

Supported by:Special Funds for Fundamental Research Funds of the Central Universities (CZQ24015)

of anchors introduces numerous redundant hyperparameters, resulting in high computational cost and memory consumption, which consequently limits detection efficiency. In contrast, anchor-free detection methods predict object locations and categories in a pixel-wise manner, leading to a simpler architecture and higher computational efficiency. but compared to the two-stage detectors that use RoI Pooling or RoI Align to perform feature resampling and spatial alignment on candidate regions, the single-stage detector lack effective region aggregation mechanisms. This limitation makes it difficult to extract robust and discriminative features from complex backgrounds, thereby affecting the performance of target detection. At the same time, the acquisition process of breast pathological images often involves different brands of microscope scanners, differentiated imaging parameter configurations, and tissue staining procedures, These factors lead to significant domain discrepancies in pixel distributions, staining intensity, cellular boundary clarity, and background texture patterns across datasets. Consequently, detection models trained on data from a single laboratory often suffer performance degradation when applied to data from other institutions, as the input feature distributions change and the learned decision boundaries may no longer remain valid. Such domain shifts may introduce decision biases in the model and lead to incorrect predictions in downstream tasks such as survival analysis and tumor grading, ultimately hindering the reliability and large-scale clinical deployment of these models. In addition, in breast pathological image analysis, apart from the mitotic cells that need to be accurately identified, there are also a large number of interference samples with morphological features highly similar to mitotic cells. We define these samples as difficult negative samples. These samples mainly include cell nuclei in the interphase, apoptotic cells that have shrunk or fragmented, cell fragments produced during tissue section preparation, and artifact structures formed due to slice folds or uneven staining. Due to the substantial overlap between these samples and mitotic cells in key morphological features such as nucleus-to-cytoplasm ratio, staining intensity, and local texture patterns, even experienced pathologists often need to repeatedly examine them under high-magnification microscopy for confirmation. Such hard negative samples easily induce misclassification during model inference, hereby significantly increasing the false positive rate and ultimately impairing the accuracy of mitotic cell counting. **Method** To alleviate the feature misalignment problem of anchor-free detectors, inspired by the deformable attention module and deformable convolution networks (Deformable ConvNets) in Deformer DETR, an adaptive context alignment strategy is proposed, which dynamically aggregates context information that matches the target structure, effectively improving the expression ability and discrimination ability of features. For the problem of model generalization performance decline caused by domain differences in pathological image analysis, a multi-granularity cross-domain adaptive module is designed. This module starts from three granularities: at the image level, it eliminates apparent interference caused by color style and texture distribution of the overall image, as well as differences in staining depth and device parameters; at the foreground level, it aligns the local structure of the cell region through center perception and suppresses background responses; At the category level, the information of hard negative samples is fully utilized, and high-confidence pseudo labels are adopted as the supervisory signal. Through two parallel branches, they are optimized separately: one branch is responsible for aligning the feature distributions of similar samples between the source domain and the target domain; the other branch focuses on enhancing the inter-class distinguishability between mitotic cells and hard negative samples. Through the synergy of multi-granularity feature alignment, the impact of data distribution heterogeneity on model inference is effectively weakened, significantly improving the detection accuracy, stability, and generalization ability of the model in unknown domain breast pathological images for mitotic cells. **Results** The proposed method demonstrates superior detection performance and generalization ability on mainstream public datasets, fully verifying its effectiveness and superiority in the mitotic cell detection task. On the ICPR MITOSIS 2014 dataset, this method achieved the current optimal F-score metric, achieving a significant performance improvement of 5.5% compared to existing best methods; on the MIDOG2021 dataset, this method further achieved the highest recall rate, significantly reducing the risk of missed detection of key target cells in clinical pathological analysis. **Conclusion** The proposed detection method addresses the inherent defects of single-stage detectors in feature processing, effectively improving the accuracy of mitotic cell detection. At the same time, its excellent generalization performance breaks through the performance barriers of traditional models between source domain data and target domain data, providing a more reliable and efficient solution for the automated and precise detection of mitotic cells in breast pathological images.

Key words: mitosis detection; adaptive context; multi-level domain confrontation; category-level domain adaptation;

pathological image analysis

0 引言

根据2025年度癌症统计,乳腺癌已位居女性癌症死亡原因的首位(Siege等,2026),其发病率持续增高,给女性健康带来了巨大的威胁。诺丁汉分级系统(Nottingham System)将腺管形成、核多形性和有丝分裂计数作为乳腺癌分级的基本方法(Sebai,2020)。其中,有丝分裂计数是浸润性乳腺癌侵袭性的重要指标,由病理学家通过显微镜手动标注苏木精和伊红(haematoxylin and eosin, H&E)染色组织切片得出。该方法耗时且易存分歧。因此,开发乳腺病理图像自动检测方法以提升效率与可靠性至关重要(Lin等,2023)。

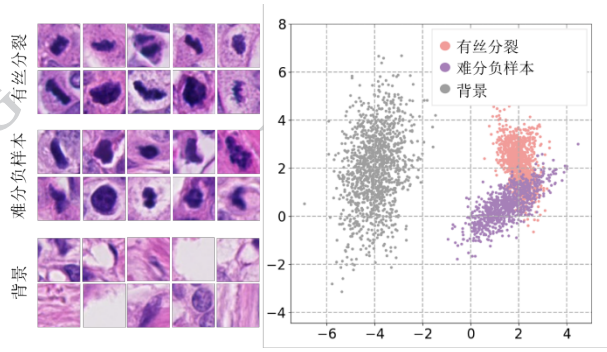
随着计算机视觉和深度学习技术的快速发展,基于卷积神经网络(convolutional neural networks, CNN)的目标检测方法在乳腺病理图像检测中得到了广泛应用(Wu,2017)。基于锚点的方法根据一系列预定义的锚点对目标进行分类和回归来发现目标,并在锚点的基础上进行位置调整 and 分类。Sohail等人(2021)提出多阶段框架MP-MitDet,先利用Mask R-CNN在组织层面初步定位有丝分裂区域后,设计MitosRes-CNN分类器进行最后筛选;Yancey(2022)基于多流Faster R-CNN架构,利用UNet产生的附加细节特征帮助定位有丝分裂区域;Tang等人(2024);Liu等人(2023)设计了具有子分类机制的深度径向基网络以解决不同阶段有丝分裂细胞形态多样性问题。然而,这些基于锚点的方法在检测过程中需要设置大量的锚点,计算成本高,检测效率较低。

相较于基于锚点的两阶段方法,无锚点检测方法不依赖于预定义的锚框,以特征点预测的方式进行目标检测,并利用单个采样位置的特征直接回归边界框并预测类别,降低了计算成本,具有更高的检测效率。Han等人(2022)基于全卷积单阶段检测器(fully convolutional one-stage object detector, FCOS),通过融合CBAM注意力机制并采用轻量化检测头,在降低计算成本的同时提升目标检测精度。Xiong等人(2022)则基于CenterNet检测架构,通过引入改进的通道非局部注意力模块,并结合空洞卷积构建

多尺度特征提取网络,从而完成目标检测任务。在有丝分裂检测中,Li等人(2022)基于FCOS检测框架,引入框监督实例感知头,通过投影损失、相邻像素一致性损失和质心圆损失,提升有丝分裂区域的定位精度;Topuz等人(2023)采用YOLO系列单阶段检测器,直接从病理图像中提取多尺度特征以定位有丝分裂细胞。然而,与Faster R-CNN等两阶段检测器通过感兴趣区域池化(region of interest pooling, RoI Pooling)或RoI Align(Muller等,2025)对候选区域进行特征空间对齐的处理不同,无锚点检测器通常缺乏对感兴趣区域的特征聚合操作。导致回归的边界框与目标特征不对齐,影响了复杂场景场景中的目标检测性能。

另一方面,从不同扫描仪获得的组织病理学图像通常在外观上具有较大的差异,这阻碍了模型的泛化能力(Shi等,2024)。为了解决域偏移问题,可以在训练神经网络之前对图像进行染色归一化(Macenko等,2009;Ruifrok等,2001),但这种方法不能解决由于处理组织以保留其底层成分和细胞而导致的变化。Wilm等人(2021)基于RetinaNet架构,通过引入梯度反转层(Gradient Reversal Layer, GRL)与域判别器构建域对抗训练网络,迫使骨干网络学习域不变特征,以提升模型在不同扫描仪来源的病理图像上的有丝分裂检测泛化能力。Zheng等人(2020)将特征提取网络生成的注意力权重加权到对抗损失,以在图像级对齐过程中强调前景对象。但仅在图像水平上对齐域特征,导致目标域检测到的目标中混有大量背景噪声。Wang等人(2026)等结合图像级别与中心感知实例级别的域适应进行对抗训练,更多的注意力聚焦在前景目标区域,有效地降低模型在处理目标图像时背景区域的干扰,而在实际病理图像中,如图1所示:存在一类与有丝分裂细胞形态学外观高度相似的非有丝分裂细胞,即难分负样本(Hard Negatives)。

有丝分裂细胞与难分负样本的特征距离远小于其与背景样本的特征距离,易导致模型输出检测结果的假阳性较多。尽管Wang等人(2026)的方法解决了模型对背景区域的误响应问题,但针对这类难分负样本,目前仍未提出能实现类别层面特征对齐的优化策略。



对应特征可视化图

图1 有丝分裂细胞、难分负样本和背景示例及

Figure 1 Examples of mitotic cells, negative samples that are difficult to classify, and background along with corresponding feature visualization diagrams

针对上述技术局限性,本文提出两项核心改进策略:

1)为缓解无锚点检测器的特征不对齐问题,受Deformable DETR中可变形注意力机制与可变形卷积网络(Deformable ConvNets)的启发,提出一种自适应上下文对齐策略,动态聚合与目标几何结构匹配的上下文信息,增强目标关键区域(有丝分裂细胞)的特征响应。

2)针对病理图像分析中域差异导致模型泛化性能下降的问题,进一步设计了一种多粒度跨域自适应模块(multi-granularity domain adaptation, MGDA)。该模块首先在图像与前景层面上训练域判别器对齐源域和目标域的特征,并针对有丝分裂细胞与相似非有丝分裂细胞易混淆的难点,充分利用难分负样本的信息,进一步设计了包含两个并行分支的类别域判别器,该判别器利用高置信度伪标签进行监督,增强类间区分度的同时,促进同类实例的跨域特征一致性。

1 方法

1.1 基于自适应上下文的单阶段检测网络

我们的有丝分裂检测器采用单阶段、无锚框且无候选区域的网络架构FCOS,由分类分支、回归分支和中心性分支组成。分类分支预测有丝分裂的二分类得分,回归分支估计从某一位置到边界框四条边的距离。中心性分支与边界框回归分支并行运作,用于抑制从远离物体中心的位置得到的低质量

检测边界框。在跨域共享的特征提取器G中,采用特征金字塔网络(feature pyramid network, FPN)来处理不同大小的目标。根据细胞尺寸,选取FPN第3、4、5层级的特征图,记为 $F \in \mathbf{R}^{H \times W \times C}$,每个特征图 F 有256个通道。

由于在单阶段检测框架中,摒弃了显式的候选区域特征提取步骤,直接通过密集锚点进行边界框回归,导致特征与目标位置间的错位问题。针对这一挑战,本文提出自适应上下文(adaptive context, AC)机制,如图2所示,对于FPN输出的多尺度特征图 F ,首先通过三个独立的 1×1 卷积层投影至三个特征空间: ψ_q, ψ_k, ψ_v 。

给定一个采样点 p_i ,为该点邻域内少量固定数量的位置分配上下文,基于特征 F_{p_i} ,通过线性层得到上下文的采样偏移 Δp_j ,采样点与相应上下文之间的注意力权重 \mathbf{a}_{ij} 通过以下方式计算:

$$r_{ij} = \frac{\psi_q(F_{p_i})^T \psi_k(F_{p_i + \Delta p_j})}{\sqrt{C'}} \#(1)$$

$$\mathbf{a}_{ij} = \frac{\exp(r_{ij})}{\sum_{j=1}^L \exp(r_{ij})} \#(2)$$

式中, C' 为特征通道降维系数; L 为采样点的上下文数量; \mathbf{a}_{ij} 表示再合成采样点时对位置 $p_i + \Delta p_j$ 的关注程度。上下文注意力特征 A_i 计算如下:

$$A_i = \sum_{j=1}^L \mathbf{a}_{ij} \cdot \psi_v(F_{p_i + \Delta p_j}) \#(3)$$

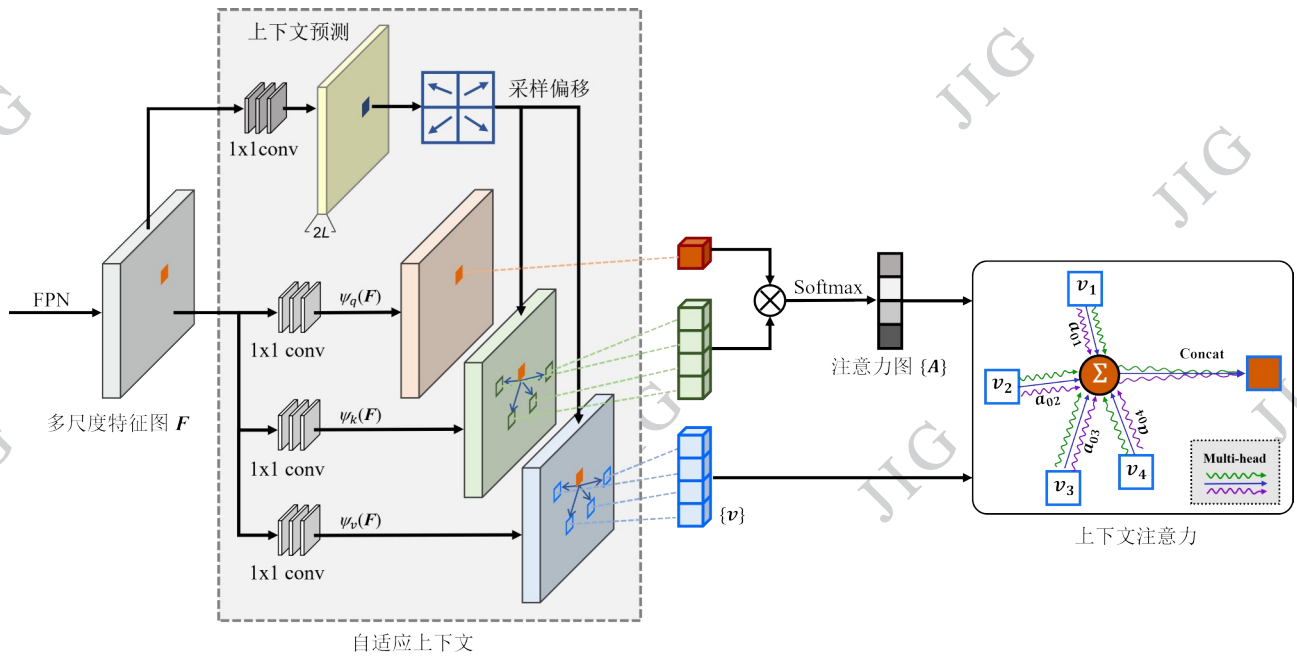
多头上下文注意力通过拼接所有头的结果来计算,然后应用线性层得到输出。具有 M 个头的多头注意力 H 描述如下:

$$H = \text{Concat}(A_1, \dots, A_M) \mathbf{W} \#(4)$$

式中, \mathbf{W} 是用于合并输出的权重矩阵。将原始特征 F 与 H 相加,经聚合得到的特征将作为FCOS检测器的输入 F' 。

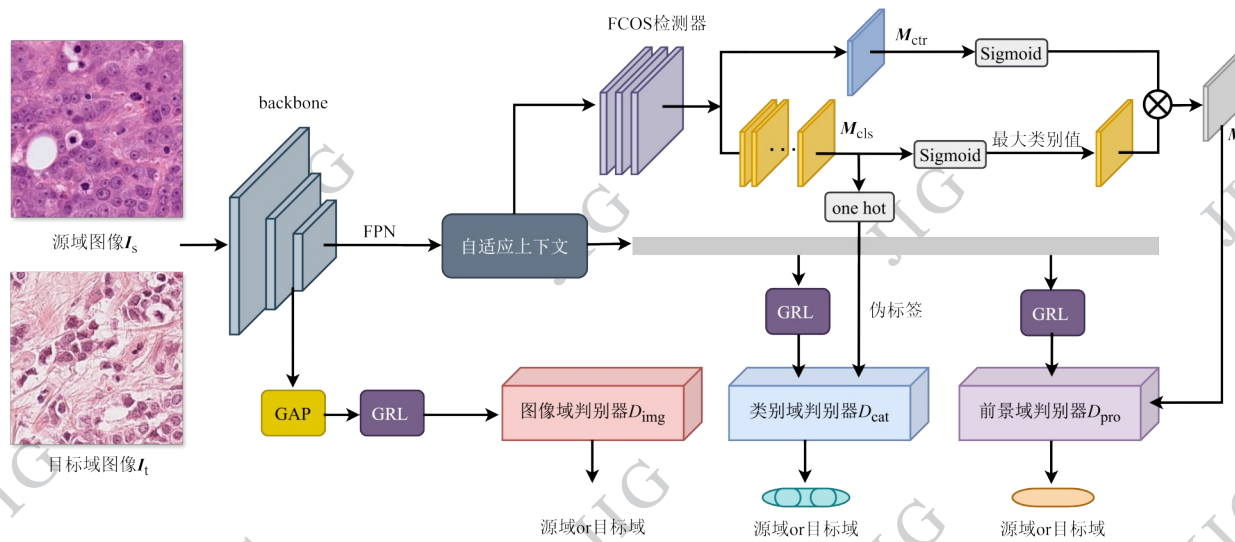
1.2 多粒度跨域自适应模块

如图3所示,多粒度跨域自适应模块从图像、前景和类别等多个粒度判别样本属于源域还是目标域。在训练过程中,通过GRL反转从判别器回传到特征提取网络的梯度方向(Chen等,2018),使特征提取网络得以学习生成难以被各判别器区分来源域的特征表示;与此同时,各判别器通过最小化域分类损失来提升其分类性能



自适应上下文机制先将 F 投影至不同特征空间, 再通过上下文采样偏移计算、注意力权重学习完成上下文信息聚合, 最终将增强后的特征用于分类与边界框回归分支。

图2 自适应上下文结构图
Figure 2 Adaptive context structure diagram



MGDA 包含三个域判别器, 分别为图像域判别器 D_{img} , 前景域判别器 D_{pro} 以及类别域判别器 D_{cat} ; 每个判别器均由四个堆叠的卷积层(含归一化与 ReLU 激活函数)和一个附加的 3×3 卷积层构成。

图3 多粒度跨域自适应模块结构图
Figure 3 Multi-granularity cross-domain adaptive module structure diagram

1.2.1 图像域适应

图像域判别器 D_{img} 旨在识别每张乳腺病理图像来自源域或目标域, 并输出对应类别概率。 D_{img} 对骨干网络输出的特征图进行全局平均池化, 得到图像特征表示 \bar{f}_i , 对于源域 s 与目标域 t 的图像, 其域分

类损失定义如下:

$$L_{img} = - \sum [z \log D_{img}(\bar{f}_s) + (1 - z) \log (1 - D_{img}(\bar{f}_t))] \# (5)$$

式中, z_i 表示训练图像 I_i 的域标签: 当图像属于源域时, $z_s = 1$; 当图像属于目标域时, $z_t = 0$ 。

1.2.2 前景域适应

为了使模型能够聚焦于有丝分裂而非正常细胞,尤其是那些具有高置信度且靠近目标中心的像素,我们引入了前景域适应。该方法通过中心感知获得前景目标区域,进而引导判别器对这些区域进行局部特征对齐。

具体而言,全卷积网络基于自适应上下文模块输出的特征图 F' ,生成中心度图 M_{ctr} 与类别概率图 $M_{cls} \in \mathbf{R}^{H \times W \times U}$ (其中 U 为前景类别数, $U = 2$)。对 M_{cls} 进行逐通道 Sigmoid 激活并进行最大池化,得到类别无关的前景目标概率映射 M_{obj} ,将 M_{obj} 与经过 Sigmoid 归一化的中心度图 $\text{Sigm}(M_{ctr})$ 进行逐元素相乘,最终生成融合目标存在概率与中心度信息的

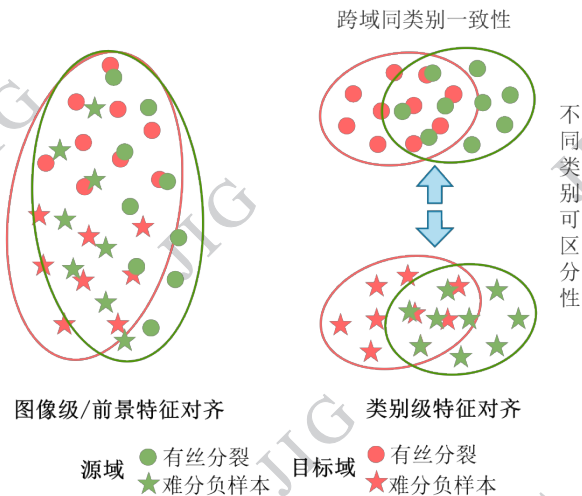
$$L_{ins} = - \sum_{x,y} \left[z \log D_{ins}(M_{CA} \cdot F')^{(x,y)} + (1 - z) \log (1 - D_{ins}(M_{CA} \cdot F')^{(x,y)}) \right] \quad (8)$$

式中, $(M_{CA} \cdot F')^{(x,y)}$ 表示图像加权后的特征图在位置 (x, y) 的特征。

1.2.3 类别域适应

为降低难分负样本的干扰,在有丝分裂细胞检测过程中,将难分负样本纳入前景信息,并在类别域中进行细分。如图4所示,类别域适应通过两个并行的子任务实现:一方面增强有丝分裂细胞和难分负样本的类别可区分性,另一方面促进同一类别特征的域间一致性,从而实现更鲁棒的域不变表示学习。

不同类别可区分性



adaptation for categories

图4 类别域适应示意图

Figure 4 Schematic diagram of domain

心感知图 M_{CA} :

$$M_{obj} = \text{MaxPool}(\text{Sigm}(M_{cls})) \quad (6)$$

$$M_{CA} = \text{Sigm}(\gamma M_{obj} \cdot \text{Sigm}(M_{ctr})) \quad (7)$$

式中, $\text{Sigm}()$ 表示 Sigmoid 函数, $\text{MaxPool}()$ 表示沿通道维度的最大池化操作, \cdot 表示逐元素乘法, 即 Hadamard 积。由于 M_{obj} 和 $\text{Sigm}(M_{cls})$ 的值均在 $[0, 1]$ 区间, 相乘后容易导致数值过小, 为此引入缩放因子 γ 以调节数值范围, 经过实验验证, $\gamma = 20$ 。

接下来, 使用 M_{CA} 对 F' 进行加权操作。将加权后的特征图输入到前景域判别器 D_{pro} 中, 与 D_{img} 类似, 我们在 D_{pro} 前插入 GRL, 用于 D_{pro} 的域分类损失函数写为:

由于缺乏真实标签直接监督类别域判别器, 本文采用一种基于高置信度伪标签的自监督策略。利用全卷积网络生成的 M_{cls} , 计算全局最大类别概率 P_{max} , 并据此将背景和低分样本进行滤除后筛选高质量样本 S :

$$S = \{(x, y) | M_{cls}^{(x,y,u)} > \theta \cdot P_{max}\} \quad (9)$$

式中, θ 为比例阈值因子, 实验设置为 0.3。对于集合 S 中的每个位置 (x, y) , 将其预测类别转换为独热编码 (one-hot) 向量, 作为伪标签 $\hat{l}_{dis}^{(x,y,u)} \in \{0, 1\}$ 。

同时, 类别域判别器将经过自适应上下文聚合后的特征图 F' 映射为得分特征图 $\hat{M} \in \mathbf{R}^{H \times W \times C}$, 该得分已融合了来自源域与目标域的鉴别信息, 通过 Softmax 函数对其进行归一化, 得到域无关的前景类别概率 $p_{dis}^{(x,y,u)}$:

$$p_{dis}^{(x,y,u)} = \frac{\exp(\hat{M}^{(x,y,u)})}{\sum_{u'=0}^{U-1} \exp(\hat{M}^{(x,y,u')})}, u = 0, 1 \quad (10)$$

式中, $\hat{M}^{(x,y,u)}$ 表示位置 (x, y) 的置信度得分, $u = 0, 1$ 分别对应有丝分裂细胞与难分负样本。

用于增强类别可区分性的损失函数写为:

$$L_{dis} = - \frac{1}{|S|} \sum_{(x,y) \in S} \sum_{u=0}^{U-1} \hat{l}_{dis}^{(x,y,u)} \log(p_{dis}^{(x,y,u)}) \quad (11)$$

跨域同类一致性

在加强不同类别可区分性的基础上, 为进一步对齐跨域同类样本的特征分布, 减少域间差异。通过对两域中同一类别的得分进行归一化处理, 计算

域归属概率 $p_{sim}^{(x,y,u)}$:

$$p_{sim}^{(x,y,u)} = \frac{\exp(\hat{M}_s^{(x,y,u)})}{\exp(\hat{M}_s^{(x,y,u)}) + \exp(\hat{M}_t^{(x,y,u)})} \quad \#(12)$$

式中, $\hat{M}_s^{(x,y,u)}$ 和 $\hat{M}_t^{(x,y,u)}$ 分别表示该位置在类别 u 上对应于源域与目标域的原始判别得分。

同样, 仅基于高置信度样本集合 S 计算损失, 用于维持同类样本域相似性的损失定义为:

$$L_{sim} = -\frac{1}{|S|} \sum_{(x,y) \in S} \sum_{u=0}^{U-1} \hat{I}_{sim}^{(x,y,u)} \log(p_{sim}^{(x,y,u)}) \quad \#(13)$$

式中, 若位于 (x, y) 的实例来自源域且被预测为类别 u , 则伪标签 $\hat{I}_{sim}^{(x,y,u)} = 1$, 否则为 0。

类别域判别器 D_{cat} 的的总优化目标由判别损失和相似性损失共同组成:

$$L_{cat} = \alpha L_{dis} + (1 - \alpha) L_{sim} \quad \#(14)$$

式中, α 为用于平衡各项损失权重的超参数, 实验取值为 0.3。使模型在加强有丝分裂与难分负样本的可区分性的同时, 促进跨域同类样本的特征分布对齐。

1.3 总损失函数

有丝分裂检测任务的整体损失函数可表示为:

$$Loss = \underbrace{L_{cls} + L_{reg} + L_{ctr}}_{detector} + \lambda \underbrace{(L_{img} + L_{pro} + L_{cat})}_{domain} \quad \#(15)$$

式中, 前三项为 FCOS 检测器损失, 包括分类损失、回归损失和中心性损失; 后三项为域对抗损失, 包括图像域适应损失、前景域适应损失和类别域适应损失, 系数 λ 用于平衡各部分损失的权重, 经实验取 0.4。

2 实验与分析

2.1 实验配置与超参数

本研究在训练与测试阶段, 选用 PyTorch 作为深度学习算法框架, 以 Python 为开发语言, 硬件环境包括: CPU: Intel Xeon Gold 6240@2.60 GHz×72, GPU: NVIDIA TITAN RTX 24G×2; 软件环境包括: 64 位 Ubuntu 20.04.5 LTS 操作系统, CUDA 11.3, Python 3.7, PyTorch 1.13.0。在模型训练配置中, 我们采用 SGD 优化器进行参数优化, 设置初始学习率为 0.0025, 动量系数为 0.9, 权重衰减强度为 0.0001。学习率策略采用分步衰减机制 (step decay), 在初始 500 次迭代中逐步提升学习率, 预热比例为初始学

习率的 0.001。在第 8 和第 11 训练周期 (epoch) 进行学习率衰减, 总训练轮数设置为 12 个 epoch。

2.2 数据集

ICPR MITOSIS 2014 数据集 (Isola 等, 2017) 的样本来源于 16 名乳腺癌患者的活检组织病理图像, 其训练集包含 1200 张乳腺组织高倍视野 (high power field, HPF) 图像。这些 HPF 图像由 Aperio Scanscope XT 与 Hamatsu Nanozoomer 2.0-HT 两款扫描仪采集, 放大倍数均为 40 倍, 单张 HPF 图像分辨率为 1539×1376 图像。该训练集不仅包含 749 个已标记的有丝分裂细胞, 还标注了 2884 个形态相似的困难负样本, 且病理学家仅对细胞的中心位置进行标注 (弱标签)。本文参照 (MITOS-ATYPIA-14 Dataset, 2014; Li 等, 2022) 中规定的划分协议, 将训练数据按 4:1 的比例划分为训练集与验证集。

MIDOG2021 数据集 (Wilm 等, 2022) 包含 200 张人类乳腺癌组织全切片图像 (whole slide image, WSI), 这些图像由 4 台不同型号的扫描仪采集, 分别为 Hamamatsu XR NanoZoomer 2.0、Hamamatsu S360、Aperio ScanScope CS2 和 Leica GT450, 每台扫描仪各采集 50 张 WSI。其中, 150 张 WSI 带有标注标签, 剩余 50 张无注释标签的 WSI 来自第四台扫描仪 (Leica GT450)。在带标签图像的标注内容中, 共包含 1721 个有丝分裂细胞与 2714 个困难负样本, 且数据集标签以固定大小的边界框形式呈现。由于该数据集的测试集未公开, 本文仅使用训练集开展验证工作, 并将训练集按 4:1 的比例划分为训练集与验证集。

为便于对检测网络进行训练, 我们邀请病理专家手动在 ICPR MITOSIS 2014 数据集 MIDOG2021 数据集上将弱标签扩展为与有丝分裂细胞的实际大小和形状相匹配的边界框注释。对组织病理图像, 以数据标注的细胞位置作为采样中心, 在 150 图像半径范围内实施随机偏移后, 裁剪得到尺寸为 512×512 图像的图像块。负样本采用随机采样方式获取, 同时控制正负样本比例维持在 1:1。

2.3 评价指标

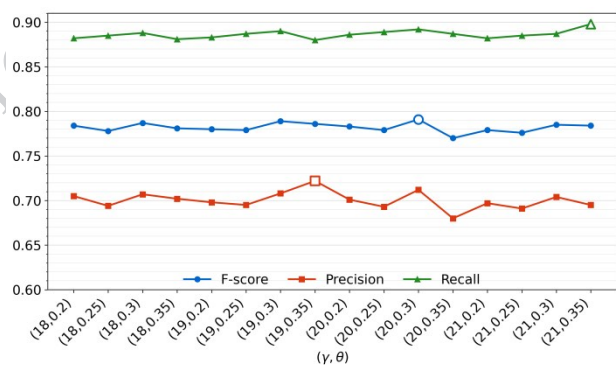
有丝分裂细胞检测任务的性能评估基于正确检测到的有丝分裂数量, 如果模型预测的细胞的质心与实际有丝分裂的质心坐标在设定阈值内, 则将该检测结果视为真阳性。根据有丝分裂检测竞赛的评估标准, 在 ICPR MITOSIS 2014 数据集中, 预测的有

丝分裂的中心点与标记的有丝分裂中心点的欧式距离在 $8\mu\text{m}$ (约 32 像素) 范围内, 则该有丝分裂被视为真阳性; 在 MIDOG2021 数据集中, 如果检测到的实例的中心点与最近的标签位置之间的欧氏距离小于等于 $7.5\mu\text{m}$ (约 32 像素), 则该实例将被视为真阳性。我们选用 F 分数 (F-score) 作为主要的评价指标, 精确率 (precision) 和召回率 (recall) 作为辅助评价指标。

2.4 消融实验

2.4.1 缩放因子 γ , 比例阈值因子 θ 的确定

为探究公式 (7) 中的 γ 与公式 (9) 中的 θ 对有丝分裂检测性能的影响, 本文在 MIDOG2021 数据集上开展了超参数消融实验。图 5 展示了不同 γ 、 θ 组合下模型性能分布情况。



突出表示的为每个指标对应的最大值

图 5 超参数的取值对有丝分裂检测性能的影响

Figure 5 The influence of hyperparameters' values on the performance of mitosis detection

当 θ 固定时, 随 γ 增大, 模型对前景目标的关注能力逐渐增强, 背景噪声的干扰得到抑制, 精确率上升; 而 γ 过大将造成中心感知区域过度收缩, 导致部分判别性上下文信息丢失, 进而导致精确率下降。当 γ 固定时, 适当提高 θ 可提升伪标签质量, 但 θ 过大会造成有效监督信号不足, 削弱模型对难分负样本的学习能力, 导致召回率降低。综合各参数组合的实验结果, $\gamma=20$ 、 $\theta=0.3$ 时, 模型在目标域验证集上取得最优 F-score, 实现了漏检与误检的良好平衡, 后续实验均采用此参数配置。

2.4.2 AC 与 MGDA 对模型性能的影响

为探究所提出方法的有效性, 设计消融实验来探究自适应上下文机制以及多粒度跨域自适应模块对模型性能的影响。表 1 展示了在 MIDOG2021 数

据集上, 有丝分裂与相似非有丝分裂细胞的检测结果。其中, “Baseline” 代表原始的 FCOS 目标检测网络。

如表 1 与图 6 所示, 引入自适应上下文机制后, 模型在目标任务上的 F-score 提升至 0.759, 较 Baseline 实现 +3.2% 的性能增益, 假阳性 (false positive, FP) 与假阴性 (false negative, FN) 均有一定程度的减少, 证明该机制通过动态关联局部与全局上下文信息, 有效缓解因特征错位引发的定位偏差, 为实例生成更精准的特征表示。与此同时, MGDA 的引入使模型性能较 Baseline 进一步提 3.0%。实验结果表明, 该模块能够对齐源域与目标域在不同特征粒度上的分布差异, 有效学习领域不变性特征, 从而减轻跨域场景下的领域偏移问题, 显著提升模型在未知目标域上的检测准确性与泛化能力。值得注意的是, 在引入 MGDA 模块后, FP 数量大幅下降, 这表明其内部的类别域适应分支有效增强了模型对有丝分裂细胞与难分负样本的判别能力。

AC 机制与 MGDA 分别从锚点特征优化与域间特征对齐两个维度形成互补, 二者协同集成后使模型整体检测性能较 Baseline 实现 +6.8% 的显著提升, 这一结果不仅验证了 AC 机制与 MGDA 各自的有效性, 更充分证明了两组件在特征学习过程中的协同增效作用。

表 1 AC 与 MGDA 的消融实验结果对比

Table 1 Comparison of ablation experiment

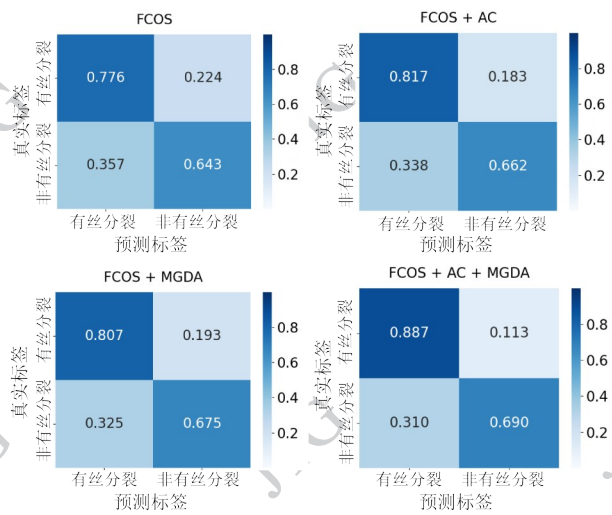
/results between AC and MGDA

Baseline	AC	MGDA	Precision	Recall	F-score
√			0.684	0.776	0.727
√	√		0.709	0.817	0.759
√		√	0.713	0.807	0.757
√	√	√	0.720	0.887	0.795

注: “√” 表示对应模块被启用

2.4.3 可视化结果

MGDA 中的图像域适应和前景域适应专注于不同角度的任务, 但都对齐特征。如图 7 所示, 当未添加任何自适应组件时, 模型易对目标图像中的正常细胞产生响应; 而在引入图像域适应与前景域适应后, 模型对背景区域的响应显著减弱, 由此可见, 上述两种适应模块能够提升模型聚焦前景区域的能力

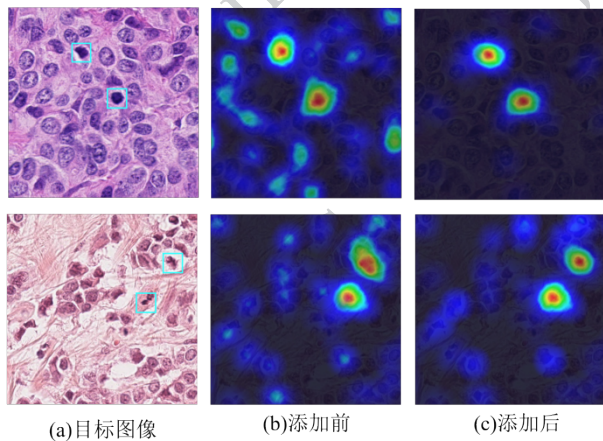


on model performance

图6 AC与MGDA对模型性能的影响

Figure 6 The influence of AC and MGDA

力,减少背景干扰,有效降低了图像间以及局部实例间的域间分布差异。



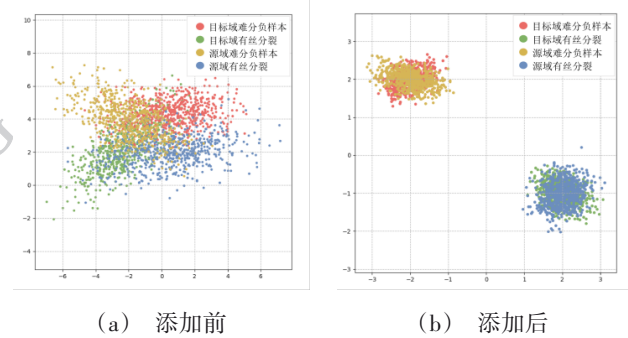
((a) target image; (b) before addition; (c) after addition)

图7 添加图像域适应与前景域适应前后的模型响应热图

Figure 7 Model response heatmaps before and after adding image domain adaptation and foreground domain adaptation

为直观展现MGDA中类别域适应的作用,我们借助非线性降维技术t-SNE(t-distributed stochastic neighbor embedding)对训练过程中的实例特征做降维可视化处理(Aubreville等,2021)。在图8(a)中,可以看到有源域和目标域中丝分裂细胞(target mitosis、source mitosis)以及难分负样本(target Hard Negatives、source Hard Negatives)的图像特征分布状态:相同域中不同种类以及不同域中相同种类的特征相互混叠。添加类别域适应后,随着训练推进,如

图8(b)所示,同一域内,不同种类之间的特征逐渐分离;相同种类的特征则逐渐聚集;同时,不同域中的同一类别特征也逐步趋向聚集。结果表明,类别域适应能够有效约束特征分布,在增强跨域同类别一致性的同时,保持不同类别的可区分性。



((a) Before addition; (b) After addition)

图8 添加类别级域适应前后的特征可视化图

Figure 8 Feature visualization graphs before and after adding

2.4.3 多扫描仪交叉验证

为评估所提多粒度跨域自适应模块在多扫描仪场景中的泛化能力,本文在MIDOG2021数据集上开展了多扫描仪交叉验证实验,结果如表2所示。无论源域与目标域是否属于同类型扫描仪,在引入MGDA后,模型在所有验证数据(包括内部目标域

和外部目标域)上的F-Score均有显著提高。以源域为Hamamatsu S360的情况为例,其在内部目标域Aperio CS2中,F-Score提升了3.2%;即便在外部目标域Hamamatsu XR中,F-Score也从0.659上升至0.681,依旧展现出稳定的性能增益。上述结果充分表明,MGDA能够有效抑制不同扫描仪带来的域差异,显著提升模型在跨扫描仪场景下的检测性能,验证了所提方法对不同扫描仪图像的适应性。

2.5 对比试验

为验证所提方法在乳腺病理图像有丝分裂检测任务中的性能,本文选取ICPR MITOSIS 2014与MIDOG2021两个公开数据集开展实验,通过精确率(Precision)、召回率(Recall)、F-score三个指标定量评估模型的分类与定位能力,并结合PR曲线直观展示性能差异。

2.5.1 ICPR MITOSIS 2014数据集

表3展示了所提出方法与DeepMitosis(Li等,2018)、SegMitosis(Li等,2019)、CPCN(Han等,2021)、

表2 未使用和使用MGDA的多扫描仪交叉验证结果

Table 2 cross-validation results on multiple scanners without MGDA and with MGDA

源域图像	目标域图像	验证数据	F-Score 无MGDA模块	F-Score 有MGDA模块
Hamamatsu XR	Hamamatsu S360	Hamamatsu XR	0.734	0.748
		Hamamatsu S360	0.683	0.711
		Aperio CS2	0.712	0.732
Hamamatsu S360	Aperio CS2	Hamamatsu XR	0.659	0.681
		Hamamatsu S360	0.714	0.752
		Aperio CS2	0.632	0.664
Aperio CS2	Hamamatsu XR	Hamamatsu XR	0.721	0.735
		Hamamatsu S360	0.638	0.695
		Aperio CS2	0.691	0.736

BIA+PMS (Rodriguez 和 Mikolajczyk, 2019) 和 SFHLA (Han 等, 2024)、SmallMitosis (Kausar 等, 2021) 及 (wang 等, 2025) 现有方法在 ICPR MITOSIS 2014 数据集上的定量对比结果, PR 曲线如图 9(a) 所示。本文方法取得了最高的召回率 (0.785) 和 F-score

(0.697), 表现出最优的综合性能。证明自适应上下文机制能够有效对齐锚点与目标实例的特征表达, 同时多粒度跨域自适应模块降低了模型对不同扫描仪成像差异的敏感性, 从而实现了整体性能的提升。

表3 ICPR MITOSIS 2014数据集有丝分裂检测性能对比

Table 3 Performance comparison of mitosis detection

/in the ICPR MITOSIS 2014 dataset

方法	Precision	Recall	F-score
DeepMitosis(Li 等, 2018)	—	—	0.572
SegMitosis(Li 等, 2019)	0.638	0.503	0.562
CPCN(Han 等, 2021)	0.623	0.512	0.562
BIA+PMS(Rodriguez 等, 2019)	0.581	0.691	0.631
SFHLA(Han 等, 2024)	0.547	0.776	0.642
SmallMitosis(Kausar 等, 2021)	0.512	0.479	0.495
(wang 等, 2025)	0.684	0.667	0.675
Ours	0.627	0.785	0.697

注: 加粗字体为每列最优值; “—”表示没有相关数据

2.5.1 MIDOG2021数据集

表4展示了所提出方法在 MIDOG2021 数据集上与 EUMet (Jahanifar 等, 2024)、FMDet (Cao 等, 2023)、TribumHealthcare (Fiek 等, 2022)、StarGAN (Chung 等, 2021)、BIA+PMS (Rodriguez 等, 2019)、(wang 等, 2025) 及 PKF (Yu 等, 2025) 现有方法的定量对比结果, PR 曲线如图 9(b) 所示。本研究提出的方法在 MIDOG2021 数据集上取得了 0.795 的 F-

score, 仅次于 BIA+PMS 方法。所提出模型的召回率达到了 0.887, 相比最优结果提升了 2.2%。结果表明, 自适应上下文机制有效增强了模型在复杂背景下的鲁棒性; 并通过类别级判别器将难分负样本与有丝分裂细胞共同作为前景进行区分, 显著降低了漏检风险

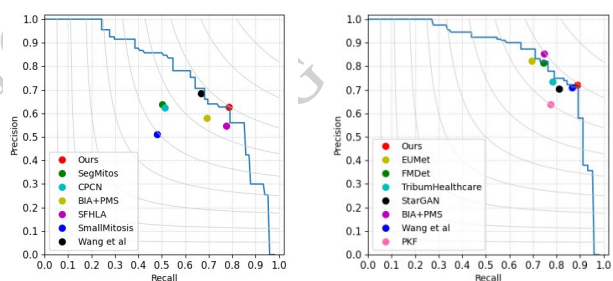
图 10 展示了模型在 ICPR MITOSIS 2014 与 MIDOG2021 验证集上的局部放大检测结果。可以

表4 MIDOG2021数据集有丝分裂检测性能对比
Table 4 Performance comparison of mitosis detection
in the MIDOG2021 dataset

方法	Precision	Recall	F-score
EUMet(Jahanifar等,2024)	0.695	0.824	0.754
FMDet(Cao等,2023)	0.744	0.815	0.777
TribumHealthcare(Fick等,2022)	0.782	0.735	0.758
StarGAN(Chung等,2021)	0.812	0.705	0.755
BIA+PMS(Rodriguez等,2019)	0.747	0.854	0.797
(Wang等,2025)	0.710	0.865	0.780
PKF(Yu等,2025)	0.637	0.776	0.756
Ours	0.720	0.887	0.795

注:加粗字体为每列最优值

性的目标实例进行对齐和分类,从而有效地将类分布从源域传输到目标域。



(a) ICPR MITOSIS 2014数据集 (b) MIDOG2021数据集

((a) ICPR MITOSIS 2014 dataset; (b) MIDOG2021 dataset)

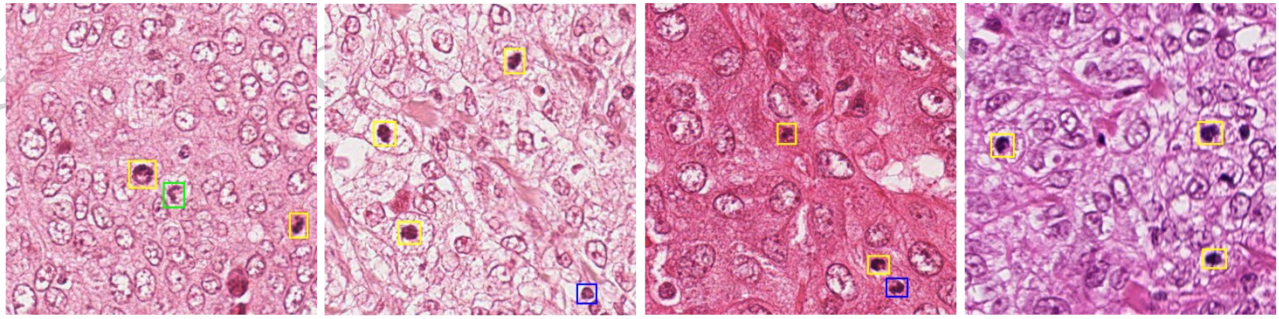
图9 在测试集上的PR曲线

Figure9 The PR curve on the test set

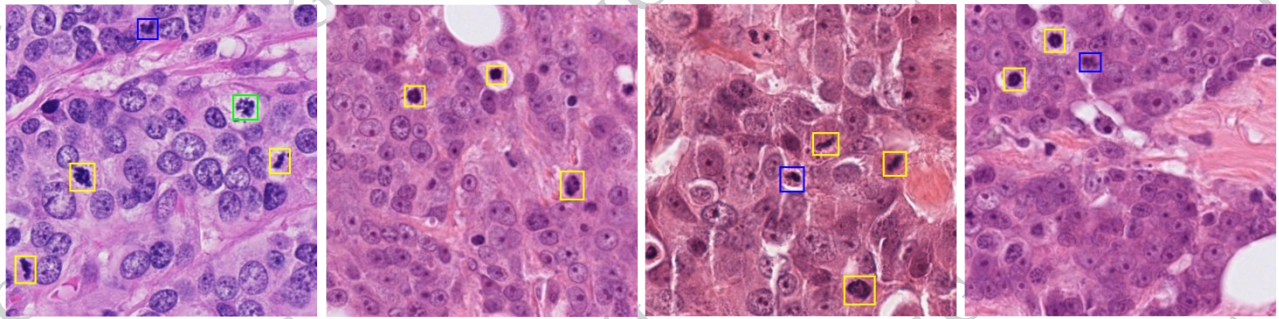
观察到,尽管图像背景复杂,模型仍能检测出绝大多数目标细胞,仅在个别区域出现少量的假阳性或假阴性预测。

3 结论

首先,针对单阶段检测框架存在的边界框与锚点不对齐的问题,提出了自适应自适应上下文机制,该机制动态聚合与目标几何结构匹配的上下文信息,从而提升特征-边界框的对齐一致性。其次,面对域差异的问题,在图像特征对齐和前景特征对齐的基础上,进一步设计伪标签监督的类别域适应模块,该模块通过捕获域内类别之间的特征分布关系,利用高置信度的实例来指导训练过程并对具有挑战



(a) ICPR MITOSIS 2014数据集



(b) MIDOG2021数据集

TP用黄色框表示,FP用蓝色框表示,FN用绿色框表示

((a) ICPR MITOSIS 2014 dataset;(b)MIDOG2021 dataset)

图10 在ICPR MITOSIS 2014和MIDOG数据集上的检测样例。

Figure10 detection examples on the ICPR MITOSIS 2014 and MIDOG datasets.

参考文献 (References)

- Siegel R L, Kratzer T B, Wagle N S, Sung H, Kratzer T B, Wagle N S, et al. 2026. Cancer statistics, 2026. CA: A Cancer Journal for Clinicians, 76(1): 1-34 [DOI:10.3322/caac.70043]
- Sebai M. 2020. Improved SegMitosis framework for mitosis detection in breast cancer histopathology images//Proceedings of the 2020 IEEE International Conference on Artificial Intelligence and Information Systems (ICAIS). Dalian: IEEE: 102-106 [DOI: 10.1109/ICAIS49377.2020.9194877]
- Lin F C, Xie H T, Liu C B and Zhang Y D. 2023. Mitosis detection by appearance and motion pattern perception. Journal of Image and Graphics, 28(09): 2733-2748 (林凡超, 谢洪涛, 刘传彬, 张勇东. 2023. 外观和运动模式感知的有丝分裂细胞检测. 中国图象图形学报, 28(09): 2733-2748) [DOI: 10.11834/jig.220901]
- Wu J. 2017. Introduction to convolutional neural networks. National Key Laboratory for Novel Software Technology, 5(23): 495
- Sohail A, Khan A, Wahab N, Zameer A and Khan S. 2021. A multi-phase deep CNN based mitosis detection framework for breast cancer histopathological images. Scientific Reports, 11 (1) : 6215 [DOI:10.1038/s41598-021-85652-1]
- Yancey R E. 2022. Deep feature fusion for mitosis counting//Proceedings of the 2022 3rd International Conference on Pattern Recognition and Machine Learning (PRML). Chengdu: IEEE: 151-158 [DOI: 10.1109/PRML56267.2022.9882245]
- Tang Q L and Cai Y. 2024. Deep radial basis function networks with sub-categorization for mitosis detection in breast histopathology images. Medical Image Analysis, 95: 103204 [DOI:10.1016/j.media.2024.103204]
- Liu Z Y, Tang Q L and Cai Y. 2023. Task-guided radial basis function network for mitosis detection in breast histopathology images. Acta Electronica Sinica, 51(11): 3146-3154 (刘子仪, 唐奇伶, 蔡玉. 2023. 任务引导的径向基网络对乳腺病理图像有丝分裂检测. 电子学报, 51(11): 3146-3154)
- Han Y, Ding T H, Li T P and Li M. 2022. An improved anchor-free object detection method//Proceedings of the 2022 International Conference on Machine Learning and Intelligent Systems Engineering (MLISE). Guangzhou: IEEE: 6-9 [DOI: 10.1109/MLISE57402.2022.00009]
- Xiong L, Wang F S, Qian Y P and Xu Y. 2022. An anchor-free target detection algorithm combining attention and dilation convolution//Proceedings of the 2022 International Conference on Frontiers of Artificial Intelligence and Machine Learning (FAIML). Hangzhou: IEEE: 34-38 [DOI:10.1109/FAIML57028.2022.00016]

- Li Y H, Xue Y, Li L F, Zhang X J and Qian X M. 2022. Domain Adaptive Box-Supervised Instance Segmentation Network for Mitosis Detection [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 41 (9) : 2469-2485 [DOI: 10.1109/TMI.2022.3165518]
- Topuz Y, Yıldız S and Varlı S. 2023. Performance analysis of the YOLO series for object detection: detection of mitosis cells in histopathology images//*Proceedings of the 2023 Medical Technologies Congress (TIPEKNO)*. Famagusta: IEEE: 1-4 [DOI: 10.1109/TIPEKNO59875.2023.10359203]
- Muller P, Meissen F, Kaissis G and Rueckert D. 2025. Weakly supervised object detection in chest X-rays with differentiable ROI proposal networks and soft ROI pooling. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 44(1): 221-231 [DOI: 10.1109/TMI.2024.3435015]
- Shi C J, Zheng Y F, Ren B J, Kong F Y and Duan C Y. 2024. Single-domain generalized breast tumor detection in X-ray images. *Journal of Image and Graphics*, 29(03): 725-740 (史彩娟, 郑远帆, 任弼娟, 孔凡跃, 段昌钰. 2024. 单域泛化X-ray乳腺肿瘤检测. *中国图象图形学报*, 29(03): 725-740 [DOI: 10.11834/jig.230279])
- Macenko M, Niethammer M, Marron J S, Borland D, Woosley J T and Guan X J, et al. 2009. A method for normalizing histology slides for quantitative analysis//*Proceedings of the 2009 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro (ISBI)*. Boston: IEEE: 1107-1110 [DOI: 10.1109/ISBI.2009.5193250]
- Ruifrok A C, Johnston D A. 2001. Quantification of histochemical staining by color deconvolution. *Analytical and Quantitative Cytology and Histology*, 23 (4) : 291-299 [DOI: 10.1177/107628220102300406]
- Wilm F, Marzahl C, Breininger K and Aubreville M. 2021. Domain adversarial RetinaNet as a reference algorithm for the Mitosis Domain Generalization Challenge [EB/OL]. [2026-01-20]. <https://arxiv.org/pdf/2108.11269.pdf> [DOI: 10.48550/arXiv.2108.11269]
- Zheng Y T, Huang D, Liu S T and Wang Y H. 2020. Cross-domain object detection through coarse-to-fine feature adaptation//*Proceedings of the 2020 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Seattle: IEEE: 13766-13775 [DOI: 10.1109/CVPR42600.2020.01378]
- Wang Y, Tang Q L, Liu R, Li G C and Liu N. 2026. Adaptive candidate generation and multi-level domain-adversarial breast cancer mitosis detection. *Journal of Computer-Aided Design and Computer Graphics*, forthcoming (王艳, 唐奇伶, 刘蓉, 李广昶, 刘娜. 2026. 自适应候选生成与多级域对抗的乳腺癌有丝分裂检测. *计算机辅助设计与图形学学报*, 待出版)
- Chen Y H, Li W H, Sakaridis C, Dai D and Van Gool L. 2018. Domain Adaptive Faster R-CNN for object detection in the wild//*Proceedings of the 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Salt Lake City: IEEE: 3339-3348 [DOI: 10.1109/CVPR.2018.00352]
- Isola P, Zhu J Y, Zhou T H and Efros A A. 2017. Image-to-image trans-
lation with conditional adversarial networks//*Proceedings of the 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*. Honolulu: IEEE: 5967-5976 [DOI: 10.1109/CVPR.2017.632]
- MITOS-ATYPIA-14 Dataset. 2014. Mitosis Atypia 14 dataset [EB/OL]. [2025-03-17]. <https://mitosatypia-14.grandchallenge.org/dataset>
- Li Y H, Xue Y, Li L F, Zhang X J and Qian X M. 2022. Domain adaptive box-supervised instance segmentation network for mitosis detection. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 41 (9) : 2469-2485 [DOI: 10.1109/TMI.2022.3165518]
- Wilm F, Marzahl C, Breininger K and Aubreville M. 2022. Domain adversarial RetinaNet as a reference algorithm for the Mitosis Domain Generalization Challenge//*Biomedical Image Registration, Domain Generalisation and Out-of-Distribution Analysis*. Cham: Springer: 5-13 [DOI: 10.1007/978-3-030-97281-3_1]
- Aubreville M, Bertram C, Veta M, Klopfleisch R, Stathonikos N, Breininger K, et al. 2021. Mitosis Domain Generalization Challenge: structured description of the challenge design (MIDOG 2021) [R]. Zenodo. [DOI: 10.5281/zenodo.4573978]
- Li C, Wang X G, Liu W Y and Latecki L J. 2018. DeepMitosis: mitosis detection via deep detection, verification and segmentation networks. *Medical Image Analysis*, 45: 121-133 [DOI: 10.1016/j.media.2017.12.002]
- Li C, Wang X G, Liu W Y, Latecki L J, Wang B and Huang J Z. 2019. Weakly supervised mitosis detection in breast histopathology images using concentric loss. *Medical Image Analysis*, 53: 165-178 [DOI: 10.1016/j.media.2019.01.013]
- Han J X, Wang X G and Liu W Y. 2021. Contextual prior constrained deep networks for mitosis detection with point annotations. *IEEE Access*, 9: 71954-71967 [DOI: 10.1109/ACCESS.2021.3079215]
- Rodriguez A L and Mikolajczyk K. 2019. Domain adaptation for object detection via style consistency [EB/OL]. [2026-01-20]. <https://arxiv.org/pdf/1911.10033.pdf>
- Han J X, Wang S K, Deng X B and Liu W Y. 2024. High-performance mitosis detection using single-level feature and hybrid label assignment. *Image and Vision Computing*, 151: 105291 [DOI: 10.1016/j.imavis.2024.105291]
- Kausar T, Wang M, Ashraf M A, and Kausar A. 2021. SmallMitosis: Small Size Mitotic Cells Detection in Breast Histopathology Images. *IEEE Access*, 9: 905-922 [DOI: 10.1109/ACCESS.2020.3044625]
- Jahanifar M, Shephard A, Zamanitajeddin N, Graham S, Raza S E A and Minhas F, et al. 2024. Mitosis detection, fast and slow: robust and efficient detection of mitotic figures. *Medical Image Analysis*, 94: 103132 [DOI: 10.1016/j.media.2024.103132]
- Cao R Y, Mo W H and Zhang W D. 2023. FMDet: Face mask detection based on improved Cascade R-CNN//*Proceedings of the 2023 IEEE 4th International Conference on Pattern Recognition and Machine*

Learning (PRML). Urumqi: IEEE: 1-6 [DOI: 10.1109/PRML59573.2023.10348209]

Fick R H J, Moshayedi A, Roy G, Dedieu J, Petit S and Hadj S B. 2022. Domain-Specific Cycle-GAN augmentation improves domain generalizability for mitosis detection//Biomedical Image Registration, Domain Generalisation and Out-of-Distribution Analysis. Cham: Springer: 40-47 [DOI:10.1007/978-3-030-97281-3_5]

Chung Y J, Cho J H and Park J N. 2021. Domain-Robust Mitotic Figure Detection with Style Transfer//Biomedical Image Registration, Domain Generalisation and Out-of-Distribution Analysis. Cham: Springer: 23-31 [DOI:10.1007/978-3-030-97281-3_3]

Yu K, Guan J L, Lan R S, Wang H D, Pan X P, and Luo X N. 2025. Prior Knowledge-Augmented Weakly Supervised Mitosis Detection in Breast Pathology Image//Proceedings of the 2025 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM). Wuhan: IEEE, 4371-4374. [DOI: 10.1109/BIBM66473.2025.11356027]

刘蓉,女,硕士研究生,主要研究方向为医学图像分析与医学人工智能。Email:2023120652@mail.scuec.edu.cn

唐奇伶,男,博士,副教授,主要研究方向为计算机视觉与医学人工智能。Email:qitang@mail.scuec.edu.cn

王艳,女,硕士研究生,主要研究方向为计算机视觉与医学图像处理。Email:2022120699@mail.scuec.edu.cn

陈鹏舟,男,硕士研究生,主要研究方向为医学人工智能与图像处理。Email:2024110557@mail.scuec.edu.cn

舒畅,男,硕士研究生,主要研究方向为医学人工智能与图像处理。Email:2024120766@mail.scuec.edu.cn

作者简介

王帅,男,硕士研究生,主要研究方向为医学图像处理,计算机视觉等。E-mail:2025110453@mail.scuec.edu.cn

乐建焱,男,硕士研究生,主要研究方向为医学图像处理与计算机视觉。E-mail:2025120608@mail.scuec.edu.cn