杨奇鸿, 尹诗雨, 赵久强,等. 领域自适应策略在医学图像分析中的研究与应用[J]. 智能计算机与应用,2026,16(7):42-48.
DOI:10.20169/j.issn.2095-2163.24121102

领域自适应策略在医学图像分析中的研究与应用

杨奇鸿[1], 尹诗雨[2], 赵久强[3], 穆继亮[2]
(1 河南理工大学 计算机科学与技术学院, 河南 焦作 454000; 2 中北大学 仪器与电子学院, 太原 030051;
3 中船海丰航空科技有限公司, 北京 100070)

摘 要: 计算机辅助医学图像分析领域中因医学数据特性使传统假设过于强烈,导致算法性能不佳,产生域移位问题,因此引入领域自适应策略解决该问题。本文首先介绍医学图像数据集及领域自适应策略理论基础,其次对领域自适应在医学图像分析领域中的应用做出归纳;最后总结领域自适应学习面临的挑战并展望研究方向,为后续研究提供思路与理论支撑。

关键词: 领域自适应; 医学图像分析; 域移位
中图分类号: TP391 **文献标志码**: A **文章编号**: 2095-2163(2026)07-0042-07

Research and application of domain adaptation in medical image analysis

YANG Qihong[1], YIN Shiyu[2], ZHAO Jiuqiang[3], MU Jiliang[2]
(1 School of Computer Science and Technology, Henan Polytechnic University, Jiaozuo 454000, Henan, China;
2 School of Instrument and Electronics, North University of China, Taiyuan 030051, China;
3 CSBC SITC Aviation Technology Co., Ltd., Beijing 100070, China)

Abstract: In the field of computer-aided medical image analysis, the characteristics of medical data make the traditional assumptions too strong, resulting in poor algorithm performance and domain shift problems, so the domain adaptive strategy is introduced to solve the problem. This paper firstly summarizes the medical image dataset and the theoretical basis of the domain adaptive strategy; secondly, it makes a summary of the application of domain adaption in the field of medical image analysis; finally, it summarizes the challenges faced by domain adaptive learning and looks forward to the direction of research, which provides ideas and theoretical support for subsequent research.

Key words: domain adaptation; medical image analysis; domain shift

0 引 言

目前,机器学习特别是深度学习在计算机辅助医学图像分析、识别和诊断等方面得到广泛应用并取得优异成果,但模型泛化能力仍存在局限性。医学图像分析领域建立高可靠、高鲁棒性模型主要挑战是缺乏大规模标记数据,以及模型过度依赖大量带标签数据且通常假设训练集和测试集数据同分布。此外,实际应用中获取大量带标签数据会面临成本高、费时耗力等问题。同时,研究表明训练数据和测试数据不满足独立同分布假设条件是制约模型高泛化能力的关键因素,使测试误差随训练数据集与测试数据集分布差异增加而增加[1]。

迁移学习是解决上述问题常用方案。但由于医学图像采集设备、扫描参数等不同造成不同病理状态下医学图像数据分布及特征空间分布差异较大,使得迁移学习策略应用表现不佳。除此之外,医学图像分析中难以获取大量带标签数据、不同域任务不相关或相似性低等问题导致需要依赖辅助域训练满足多域使用需求的模型。

领域自适应(Domain Adaption,DA)能有效解决医学图像分析中数据不均衡问题,降低各域数据分布差异,同时避免从零开始训练模型所带来的高昂成本,提高模型泛化力和知识复用力。因此,领域自适

基金项目: 山西省高等学校科技创新项目(2024L494)。

作者简介: 杨奇鸿(1996—),女, 硕士研究生。主要研究方向: 图形处理,模式识别, 数据挖掘。Email:yqh19961023@163.com; 尹诗雨(1999—), 女, 硕士研究生。主要研究方向: 仪器仪表工程,图像处理; 赵久强(1999—), 男,硕士研究生。主要研究方向: 图像处理,模式识别; 穆继亮(1978—),男,教授。主要研究方向: 自驱动传感微系统等。

收稿日期: 2024-12-11

应策略在医学图形分析领域的应用显得极为重要。

本文详细阐述了领域自适应研究内容，综述了国内外学者在领域自适应技术研究和应用方面成果，并深入介绍其在医学图像分析领域的应用情况，旨在为未来研究工作提供清晰思路和理论指导。

1　DA 视角下的医学图像数据集

本节简要介绍 DA 在医学图像分析领域中常用公开数据集，涵盖肺部、脑部和视网膜等多种疾病类型。

1.1　常用数据库

（1）TCIA（The Cancer Imaging Archive）数据库[2]。不仅包含肝癌、肺癌及乳腺癌等多种癌症不同模式医学影像数据，还提供临床信息。主要应用于癌症诊断、疾病分析及优化治疗方案等方面。

（2）LIDC－IDRI（The Lung Image Database Consortium）数据库[3]。收录 1 018 个研究案例，主要针对肺部疾病研究的医学图像数据库。包含大量肺部 CT 图像及相关标注，对于肺部疾病检测、诊断和治疗研究具有重要价值。

1.2　常用数据集

（1）MedMNIST 数据集[4]。是经过预处理的医学开放数据集合，可以胜任分类和回归等多种任务，数据大小为 8×28，数据规模 100 到 100 000 不等。使用该数据集进行医学图像分析时不需要过多背景知识。

（2）多标签视网膜眼底疾病数据集（Multi－Label Retinal Diseases，MURED）[5]。主要用于眼部疾病诊断与分类，包含 2 208 张眼部图像，20 个类别。为协助医生对相关疾病进行快速、准确诊断，进行了严格的数据预处理操作。

（3）BraTs 数据集[6]。主要用于脑肿瘤图像分析，图像大小为 240×240×155。每个 MRI 图像包含 T1、T1ce、T2 和 FLAIR 四种模态。共包含水肿、增强肿瘤、非增强肿瘤和坏死等区域的标签信息。

2　领域自适应理论基础

DA 起源于机器学习挑战：在特定数据集（域）上训练的模型往往难以直接应用于不同但具有相关性的其他数据集（域）上，主要原因在于域间存在数据分布差异。DA 旨在通过减小域间分布差异，提高模型对新场景适应能力；此外，减少对标注数据需求，提升模型训练效率。

2.1　域移位

域移位是数据挖掘和机器学习领域中一个重要概念，指由于数据采集差异导致不同数据集间数据分布发生变化，使得模型训练过程产生域移位问题[7]。医学图像分析中由于数据分布高差异性，导致训练集训练得到的模型通常在测试集上性能表现不佳，甚至可能无法准确对数据进行预测及分类。

2.2　对齐分布

（1）域的概念。域指数据来源。源域指带有大量标注数据、可用于模型训练的数据；目标域是模型的目标，可能标注数据较少或者数据分布与源域不同的数据。源域和目标域可能来自同一任务，也可能来自不同任务。

（2）对齐分布。对齐分布指不同域数据通过转换在某种特征空间上尽可能相似，即不同域数据分布趋于一致。通过对齐分布可以实现利用带标签的源域数据来训练在无（或带少量）标签目标域上可用的模型。医学图形分析研究中，通过利用该方法可以训练模型辅助罕见病诊断，而不需要对罕见病图像进行大规模标注。

（3）实现过程。医学图像分析中，为有效降低不同域间分布差异，通常最小化域间分布差异度量，从而达成对特征变换的学习，最终实现不同域数据分布对齐效果。具体过程可表示为：

$$\min_{f_s, f_t} D(f_s(X_s), f_t(X_t)) \tag{1}$$

其中，$X_s = \{x_{s1}, x_{s2}, \cdots, x_{sn}\}$ 表示源域特征集；$X_t = \{x_{t1}, x_{t2}, \cdots, x_{tm}\}$ 表示目标域特征集；$D(\cdot, \cdot)$ 表示差异度量指标；$f_s(\cdot)$ 表示源域特征映射函数；$f_t(\cdot)$ 表示目标域特征映射函数。对齐分布通过式（1）学习 f_s 与 f_t，以达成对齐分布目标。

2.3　距离公式

通过距离度量促使不同域数据分布靠近，提升跨域适应性与泛化性。最常用的距离度量是 KL 散度、互信息、归一化互信息、最大均值差异等。

（1）KL 散度。KL 散度也称相对熵，衡量不同概率分布间差异的度量方法。当有多个概率模型用于描述同一组数据时，通过使用 KL 散度来比较这些模型与真实数据分布的接近程度。例如，在脑电信号时间序列预测中，通过计算不同概率模型分布与真实数据分布之间的 KL 散度，选择最能拟合数据的模型，即 KL 散度最小的模型。

对于 2 个概率分布 P 和 Q，P 相对于 Q，离散情况的 KL 散度在文献[8]定义为：

$$D_{KL}(P \parallel Q) = \sum_{i=1}^{n} P(i) \ln\left(\frac{P(i)}{Q(i)}\right) \quad (2)$$

KL 散度衡量了用 Q 来近似 P 时所损失信息。当且仅当 $P = Q$ 时，KL = 0；此外，$D_{KL}(P \parallel Q) \neq D_{KL}(Q \parallel P)$。当 P 为尖锐分布，Q 为均匀分布时，与 Q 为尖锐分布，P 为均匀分布时，计算的 KL 散度不同。

(2)互信息。互信息来自信息论，可以衡量 2 个随机变量 X（代表源图像数据）和 Y（代表目标图像数据或者经过变换后的数据）间相互依赖性。医学图像分析中通过互信息捕捉各模态间结构相关性来衡量不同模态数据分布相似性程度，以此寻找最佳空间变换，使不同模态实现空间对齐。互信息 $I(X,Y)$ 可以表示为：

$$I(X,Y) = H(X) + H(Y) - H(X,Y) \quad (3)$$

其中，$H(X)$ 表示 X 的熵；$H(Y)$ 表示 Y 的熵；$H(X,Y)$ 是 X 和 Y 的联合熵[9]。联合熵的计算公式为：

$$H(X,Y) = -\sum_{x}\sum_{y} p(x,y)\log p(x,y) \quad (4)$$

互信息[10]的计算公式为：

$$\mathrm{MI}(X,Y) = \sum_{x,y} p(x,y)\log_2 \frac{p(x,y)}{p(x)p(y)} \quad (5)$$

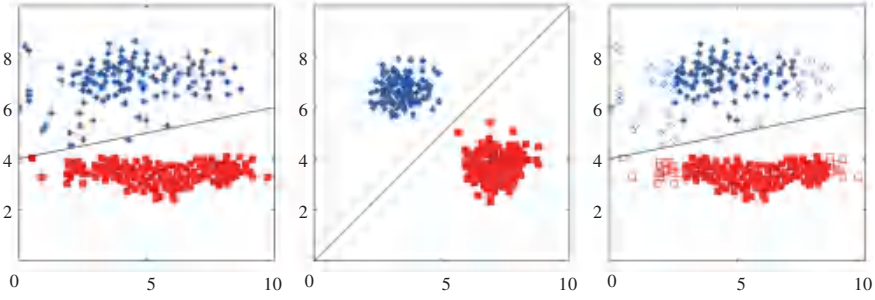
(3) 最大均值差异。最大均值差异主要衡量不同域分布间距离。通过对样本集中每个实例进行映射，利用其和大小表示再生核希尔伯特空间各样本间差异，以此代表样本集数据分布差异，是领域自适应策略常用损失函数。文献[11]对最大均值差异进行如下定义：

$$d_H^2(D^S, D^T) = M_{\mathrm{MMD}}(X_S, X_T) = \left\| \frac{1}{n_S}\sum_{i=1}^{n_S} \phi(X_i^S) - \frac{1}{n_T}\sum_{j=1}^{n_T} \phi(X_j^T) \right\|_H^2 \quad (6)$$

2.4 实例加权

实例加权是机器学习和数据挖掘领域中一种常用手段，广泛应用于数据处理方面。通过对每个数据样本(实例)赋予相应权重，可以反映其在模型训练过程中的重要性。因此通过实例加权可以有效消除两域之间差异性。实例加权如图 1 所示，不同域间距离越大，经过实例加权后对减少域移位产生的影响越大。

医学图像分析任务对于不同类型病变，由于其出现频率可能差异较大，通过实例加权可以平衡不同病变类型样本影响，避免模型过度偏向常见病变类型，提高对各类病变分类能力。因此，目前许多研究利用实例加权来处理医学图像数据不平衡问题。



(a) 源域 (b) 目标域 (c) 实例加权

图 1 实例加权

Fig. 1 Instance reweighting

2.5 特征变换

在领域自适应领域，特征变换核心任务在于将源域与目标域原本特征空间借助特定处理手段转化为一个能够共享特征的全新空间，以此降低从源域和目标域提取出的特征间的距离度量差异，如图 2 所示。

3 DA 在医学图像分析领域中的应用

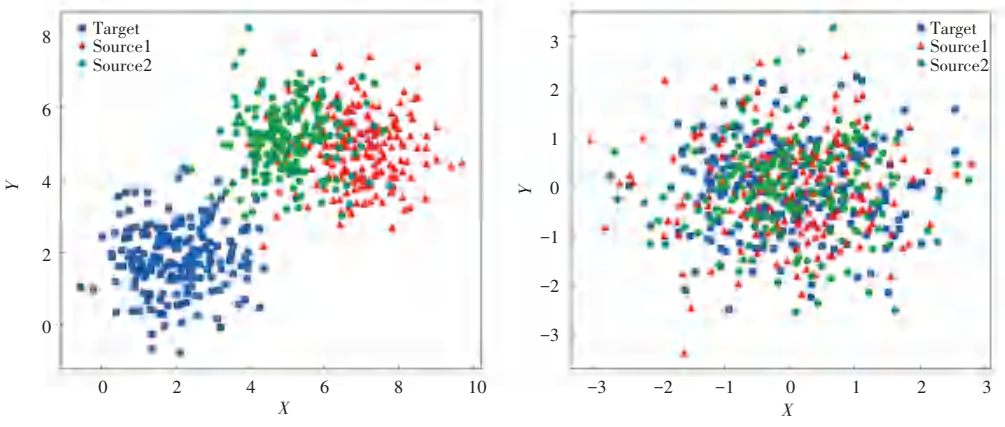
对医学图像进行详细分析能为医生准确诊断、预测和治疗疾病提供有力支持。在医学图像分析任务中，利用大量标记图像对模型进行训练时，对于通过 X 射线、计算机断层扫描(CT)及核磁共振成像(MRI)等成像方式获得的数据而言，标记过程通常需要对图像进行像素化的人工描绘，会使得训练过程极其耗时费力。此外，数据多源性使医学图像分析任务经常面临域移位等问题。为应对这些问题，基于领域自适应策略在医学图像分析领域各应用中受到广泛关注。

本节主要从数据融合、图像分割、图像分类及疾病进展方面介绍 DA 在医学图像分析领域中的应用。

3.1 数据融合

医学图像分析中通过数据融合可以减少数据冗

余，避免模型重复学习相同特征及提高数据一致性。但数据融合是较为复杂过程，需要考虑数据来源、格式等多方因素，因此采用 DA 策略将特征学习与模型训练整合于端到端的学习模型中。



（a）特征变换之前　　（b）特征变换之后

图 2　特征变换

Fig. 2　Feature transformation

3.1.1　多模态数据融合

多模态数据融合能够聚合多源数据信息，从而使模型学习知识更加完备，进而在不同域上展现出良好性能。在医学图像分析领域，各模态不仅涵盖该模态下特定信息，也包含共性特征。从不同模态提取特征可以提供互补信息，实现模态间信息共享，有助于模型掌握更多感兴趣区域语义信息。Huang 等学者[12]提出基于排名的对齐损失来对齐基因和图像特征，保留模态间相对相似性并通过多尺度对齐实现多模态数据融合。Chen 等学者[13]融合特征变换和迁移学习解决跨模态医学图像分析中域移位问题。Han 等学者[14]通过对特征分布对齐，实现数据融合以此弥补不同域间语义表征。Ma 等学者[15]通过齐融合不同模态医学图像深度特征来解决生成模型无法充分保留从源模态到目标模态必要信息的难题。Xu 等学者[16]提出对齐语义信息和减少错位噪声的特征补充对齐模块，缓解多尺度融合过程中特征错位导致准确识别息肉能力受到的限制。Yan 等学者[17]提出对齐策略，将时间信息编码为伪标签以进行多模态对齐融合，从而进一步提高 3D 超声重建性能。

3.1.2　多源数据融合

在 DA 策略中多源更多是指存在多个源域和一个目标域[18]。在医学图像分析领域，由于医院、采集设备等因素影响可能导致图像呈现不同特征分布，使不同域间数据存在异构性。

因此，在对此类数据分析时需要整合来自不同域数据，学习其共性和特性特征。但目前医学图像分析领域对多源数据处理仍有待提升。Huang 等学者[19]提出基于组合 PET-CT 双源数据融合改进空间注意力肿瘤分割网络。Li 等学者[20]提出基于深度学习变分方法，用于 PET-CT 自动融合肿瘤多源信息。Bi 等学者[21]融合 PET/CT 多源图像特征降低了不一致特征学习风险。Fu 等学者[22]将 PET 生成的空间注意力图加权融合成 CT 生成的特征信息。

3.2　图像分割

图像分割可以协助医生精确识别定位感兴趣区域，是医学图像分析领域的一个备受关注的热点研究方向。在医学图像分析中，某些关键特征对于疾病诊断至关重要，通过 DA 策略中的实例加权方法对包含这些关键特征的样本赋予更高权重，使模型更好地学习和识别这些重要特征，进而提高诊断能力；或者赋予局部区域更高权重，使模型能够更加聚焦于这些重要局部特征，从而提高对疾病感兴趣区域分割准确性。Goetz 等学者[23]提出一种基于实例加权的自适应监督脑肿瘤分割技术。Lin 等学者[24]基于加权对输入模态进行重组从而提高脑肿瘤分割准确率。Fethi 等学者[25]采用加权增强局部特征重要性，获取肿瘤特征在空间和通道方向上更多信息。Zhang 等学者[26]提出多分支网络架构用于分割脑肿瘤图像，采用加权方式分别专注于预测软掩码分割，及增强脑肿瘤亚结构的边界信息。Cinar 等学者[27]提出一种脑肿瘤分割混合模型，利用实例加权的优势来提高 Dice 分数。Raza 等学者[28]通过加权结合低级和高级特征以提高脑肿瘤分割准确

性。Zhou[29]通过加权方式关注相关模态互补信息以此增强特征学习。

此外,Vesal 等学者[30]提出监督域自适应方法来解决传统医学图像分割依赖像素级标注、难以推广到不同领域的问题。Kushibar 等学者[31]提出监督领域自适应策略解决域移位问题,用于大脑结构分割。Gao 等学者[32]提出半监督自适应学习框架用于医学图像分割保持模型稳定。Zhou 等学者[33]提出半监督多模态自适应分割框架提取与各模态固有相关独立知识。Liu 等学者[34]提出半监督自适应医学图像分割潜在扩散标签校正模型对齐不同级别的伪标签分布。Bateson 等学者[35]提出椎间盘 MR 图像分割无监督领域自适应框架。利用先验知识作为约束条件。

3.3 图像分类

图像分类是医学图像分析中的一个基础研究方向,有助于对病变组织进行准确区分,对于早期发现和治疗至关重要。DA 通过减少不同域间分布差异,帮助模型可以更好地迁移到其他域上,对于提高模型在目标域上分类准确率具有重要作用。Wachinger 等学者[36]提出实例加的监督领域自适应方法削弱阿尔茨海默病分类中源域和目标域之间分布差异对分类精度的影响。Li 等学者[37]提出一种新领域不变表示学习框架,包含基于跨域自编码器实现细胞分类最先进跨领域性能。Gao 等学者[38]提出脑活动分类无监督领域自适应方法。Kamphenkel 等学者[39]提出端到端无监督领域自适应模型,通过扩散峭度成像算法将目标域数据转换至源域,且整个过程无需带有标签的目标域数据。Wang 等学者[40]提出基于跨病人脑电图癫痫发作分类的多源无监督领域适应方法提高癫痫发作诊断效率。Zhong 等学者[41]提出无监督领域自适应方法增强对小目标数据集的骨关节炎表型自动分类性能。魏琢艺等学者[42]提出基于多源域适应单细胞分类模型消除批次效应,提升模型预测鲁棒性。蒋思清等学者[43]提出基于对抗域自适应心电信号分类方法,解决并改善训练样本标注不足和个体差异导致数据分布差异等问题。

3.4 疾病进展分析(时间序列)

对于一些慢性疾病、如帕金森病,有一系列随时间变化的医学图像来监测疾病的进展。不同时间点图像对疾病分析重要性不同。通过领域自适应策略使模型更好地学习疾病进展过程中关键变化特征,辅助医生进行疾病早期干预和治疗。Wang 等学者[44]训练 CT 到 MRI 转换的扩散模型,采用 soft masked 将跨序列注意力集成到 Mamba 中,并以螺旋方式进行选择性扫描。D´antonoli 等学者[45]提出分割 59 个与器官体积测定、疾病特征和手术计划等使用情况相关的解剖结构方法。Yang 等学者[46]受状态空间序列模型启发,提出一种新双向图像 Mamba 模型,用于在多视图胸部 X 射线中预测心血管疾病风险。Cao 等学者[47]针对基于扩散模型的鲁棒 MR 重建设计一种关注高频空间扩散过程。Zong 等学者[48]结合多头 Transformer 编码器从 fMRI 时间序列中提取相关特征,并集成用于脑网络生成的条件潜在扩散模型。该方法利用条件提示和融合注意力机制,显著提高了脑网络生成的准确性和稳定性。Zhang 等学者[49]使用无监督对抗域适应方法减少数据集偏移对跨机构转移性能影响,提升临床事件序列的诊断预测。Marçal 等学者[50]基于半监督领域自适应提出基因型到表型预测模型。

4 现存挑战及未来研究方向

目前,领域自适应方法主要基于距离度量。医学图像获取难度大,半监督模型在医学任务中广泛应用。基于距离度量的领域自适应则是利用已有的集中距离度量指标不断变换使用。研究表明,仅仅基于现有距离度量指标,很难取得令人满意效果。基于对抗学习的深层领域自适应方法近年来广受青睐,但其倾向于解决最小化域间差异,面临泛化性挑战。

在医学图像处理中,领域自适应为解决跨模态进行医学图像处理出现的“域移位”问题,提供了可行方案,在有限标记数据的情况下最大化数据利用率,因此仍需要不断进行研究。

5 结束语

本文综述了医学图像处理中领域自适应研究及应用。首先,对领域自适应常用数据集及理论基础进行阐述;其次,从数据融合、图像分割、图像类等几个方面对领域自适应在医学图像分析中的应用进行归纳,最后总结领域自适应学习面临挑战,并讨论了未来研究方向。通过本次研究,有助于更好地了解目前应用于医学任务的领域自适应算法的相关研究和未来的研究方向。

参考文献

[1] Bernhard S, Platt J, Hofmann T. Analysis of representations for

domain adaptation[C]// Proceedings of the 2006 Conference on Advances in Neural Information Processing Systems 19 (NeurIPS). Piscataway, NJ: IEEE, 2007: 137-144.
[2] Kenneth C, Bruce V, Kirk S, et al. The Cancer Imaging Archive (TCIA): Maintaining and operating a public information repository[J]. Journal of Digital Imaging, 2013, 26(6): 1045-1057.
[3] Armato S G, Roberts R Y, Mcnitt-Gray M F, et al. The Lung Image Database Consortium (LIDC) and Image Database Resource Initiative (IDRI): A completed reference database of lung nodules on CT scans[J]. Academic Radiology, 2007, 14(12): 1455-1463.
[4] Yang J, Shi R, Ni B. MedMNIST Classification Decathlon: A lightweight AutoML benchmark for medical image analysis[C]// Proceedings of 2021 IEEE 18th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI). Piscataway, NJ: IEEE, 2021: 191-195.
[5] Rodriguez M A, Almarzouqi H, Liatsis P. Multi-label retinal disease classification using transformers[J]. arXiv preprint arXiv, 2207.02335, 2022.
[6] Baid U, Ghodasara S, Mohan S. The RSNA-ASNR-MICCAI BraTS 2021 benchmark on brain tumor segmentation and radiogenomic classification[J]. arXiv preprint arXiv, 2107.02314, 2021.
[7] Joaquin Q C, Masashi S, Schwaighofer A, et al. Dataset shift in machine learning[J]. Neural Computation, 2012, 24(11): 2935-2975.
[8] Su R Z, Zeng Z, Tao L K, et al. KL Divergence-based transfer learning for cross-subject eye movement recognition with EOG signals[C]// Proceedings of Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society. Piscataway, NJ:IEEE, 2023: 1-4.
[9] Huang D, Wang C D, Lai J H. Locally weighted ensemble clustering[J]. IEEE Transactions on Cybernetics, 2018, 48(5): 1460-1473.
[10] Sun H W, Lin F, Wu X Y, et al. Normalized mutual information of fNIRS signals as a measure for accessing typical and atypical brain activity[J]. Journal of Biophotonics, 2023, 16(6): e202200369.
[11] Wang M, Deng W H. Deep visual domain adaptation: A survey[J]. Neurocomputing, 2018, 312: 135-153.
[12] Huang W T, Xu M L, Hu X L, et al. RankByGene: Gene-guided histopathology representation learning through cross-modal ranking consistency[J]. arXiv preprint arXiv, 2411.15076, 2024.
[13] Chen C, Dou Q, Chen H, et al. Synergistic image and feature adaptation: Towards cross-modality domain adaptation for medical image segmentation[J]. Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence, 2019, 33(1): 865-872.
[14] Han X T, Qi L, Yu Q, et al. Deep symmetric adaptation network for cross-modality medical image segmentation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2021, 41(1): 121-132.
[15] Ma M R, Wang W J, Ning J, et al. Large language models for multimodal deformable image registration[J]. arXiv preprint arXiv, 2408.10703, 2024.
[16] Xu W H, Xu R T, Wang C W, et al. PSTNet: Enhanced polyp segmentation with multi-scale alignment and frequency domain integration[J]. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2024, 28(10): 6042-6053.
[17] Yan Z N, Yang X, Luo M Y, et al. Fine-grained context and multi-modal alignment for Freehand 3D ultrasound reconstruction[C]// Proceedings of Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI 2024). Cham: Springer, 2024: 2716-2726.
[18] Kouw W M, Loog M. A review of domain adaptation without target labels[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2021(3): 766-785.
[19] Huang Z Y, Zou S J, Wang G Sh, et al. ISA-Net: Improved spatial attention network for PET-CT tumor segmentation[J]. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2022, 226: 107129.
[20] Li Laquan, Zhao Xiangming, Lu Wei, et al. Deep learning for variational multimodality tumor segmentation in PET/CT[J]. Neurocomputing, 2020, 392: 277-295.
[21] Bi Lei, Fulham M, Li Nan, et al. Recurrent feature fusion learning for multi-modalitypet-CT tumor segmentation[J]. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2021, 203(1): 106043.
[22] Fu X H, Bi L, Kumar A, et al. Multimodal spatial attention module for targeting multimodal PET-CT lung tumor segmentation[J]. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2021, 25(9): 3410-3420.
[23] Goetz M, Weber C, Binczyk F, et al. DALSA: Domain adaptation for supervised learning from Sparsely annotated MR images[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2016, 35(1): 184-196.
[24] Lin J W, Lin J T, Lu C, et al. CKD-TransBTS: Clinical knowledge-driven hybrid transformer with modality-correlated cross-attention for brain tumor segmentation[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2023, 42(8): 2112-2125.
[25] Fethi G, Pierre V, Su R. Efficient brain tumor segmentation using Swin transformer and enhanced local self-attention[J]. International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery, 2024, 19(2): 273-281.
[26] Zhang J J, Zeng J C, Qin P L, et al. Brain tumor segmentation of multi-modality MR images via triple intersecting U-Nets[J]. Neurocomputing, 2022, 421: 236-246.
[27] Cinar N, Ozcan A, Kaya M. A hybrid DenseNet121-UNet model for brain tumor segmentation from MR images[J]. Medical Hypotheses, 2020, 144: 110261.
[28] Raza R, Bajwa U I, Mehmood Y, et al. dResU-Net: 3D deep residual U-Net based brain tumor segmentation from multimodal MRI[J]. Neural Computing and Applications, 2021, 33(21): 14459-14472.
[29] Zhou T X. Modality-level cross-connection and attentional feature fusion based deep neural network for multi-modal brain tumor segmentation[J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2023, 81: 104524.
[30] Vesal S, Nishant R, Andress M. Automated multi-sequence cardiac MRI segmentation using supervised domain adaptation[J]. arXiv preprint arXiv, 1908.07726, 2019.
[31] Kushibar K, Sergi V, Sandra G, et al. Supervised domain adaptation for automatic sub-cortical brain structure segmentation with minimal user interaction[J]. Scientific Reports, 2019, 9(1): 6742.
[32] Gao N, Zhou S P, Wang L, et al. PMT: Progressive mean

teacher via exploring temporal consistency for semi－supervised medical image segmentation［J］. arXiv preprint arXiv, 2409. 05122, 2024.

［33］Zhou X G, Sun Y Y, Deng M, et al. Robust semi－supervised multimodal medical image segmentation via cross modality collaboration［C］//Proceedings of Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention(MICCAI 2024). Cham: Springer, 2024: 57－67.

［34］Liu X Y, Li W Y, Yuan Y X. DiffRect: Latent diffusion label rectification for semi－supervised medical image segmentation［C］//Proceedings of International Conference on Medical Image Computing and Computer－Assisted Intervention. Cham: Springer, 2024: 56－66.

［35］Bateson M, Kervadec H, Dolz J, et al. Constrained domain adaptation for segmentation［C］//Proceedings of International Conference on Medical Image Computing and Computer－Assisted Intervention(MICCAI 2019). Cham: Springer, 2019: 326－334.

［36］Wachinger C, Reuter M. Domain adaptation for Alzheimer´s disease diagnostics［J］. Neuroimage, 2016, 139: 470－479.

［37］Li Y C, Cai L C, Lu Y, et al. Domain－invariant representation Learning via segment anything model for blood cell classification［J］. arXiv preprint arXiv, 2408. 07467, 2024.

［38］Gao Y F, Zhang Y M, Cao Z Y, et al. Decoding brain states from fMRI signals by using unsupervised domain adaptation［J］. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 2020, 24(6): 1677－1685.

［39］Kamphenkel J, Jaeger P F, Bickelhaupt S, et al. Domain adaptation for deviating acquisition protocols in CNN－based lesion classification on diffusion－weighted MR images［J］. arXiv preprint arXiv, 1807. 06277, 2018.

［40］Wang Z W, Zhang W, LI S Y, et al. Unsupervised domain adaptation for cross－patient seizure classification［J］. Journal of Neural Engineering, 2023, 20(5): 056011.

［41］Zhong J R, Yao Y C, Cahill D G, et al. Unsupervised domain adaptation for automated knee osteoarthritis phenotype classification［J］. Quantitative Imaging in Medicine and Surgery, 2023, 13(11): 7444－7458.

［42］魏琢艺, 罗迈, 李文兵, 等. 基于多源域适应的单细胞智能分类［J］. 计算机工程, 2024, 50(6): 48－55.

［43］蒋思清, 陈潇俊, 高豪俊, 等. 基于对抗域适应的心电信号深度学习分类算法［J］. 计算机与现代化, 2023(1): 81－87.

［44］Wang Z B, Zhang L, Wang L T, et al. Soft masked Mamba diffusion model for CT to MRI conversion［J］. arXiv preprint arXiv, 2406. 15910, 2024.

［45］D´antonoli T A, Berger L K, Indrakanti A K, et al. Total segmentator MRI: Sequence－independent segmentation of 59 anatomical structures in MR images［J］. arXiv preprint arXiv, 2405. 19492, 2024.

［46］Yang Z F, Zhang J J, Wang G, et al. Cardiovascular disease detection from multi－view chest X－rays with BI－Mamba［C］// Proceedings of Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention(MICCAI 2024). Cham: Springer, 2024, 15005: 134－144.

［47］Cao C T, Cui Z X, Wang Y, et al. High－frequency space diffusion model for accelerated MRI［J］. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2024, 43(5): 1853－1865.

［48］Zong Y C, Jing C H, Chan J H, et al. BrainNetDiff: Generative AI empowers brain network construction via multimodal diffusion［C］//Proceedings of 2024 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI). Piscataway, NJ: IEEE, 2024:1－5.

［49］Zhang T R, Chen M H, Alex A T B. AdaDiag: Adversarial domain adaptation of diagnostic prediction with clinical event sequences［J］. Journal of Biomedical Informatic, 2022, 134: 104168.

［50］Marçal C C, Daniel M M, Alexander G I. PopGenAdapt: Semi－supervised domain adaptation for genotype－to－phenotype prediction in underrepresented populations［J］. Pacific Symposium on Biocomputing, 2024, 29: 327－340.