

# fMRI 动态功能网络构建及其在脑部疾病识别中的应用

马士林 梅 雪 李微微 周 宇

(南京工业大学电气与控制科学学院 南京 211816)

**摘 要** 如何从复杂的 fMRI 数据中提取丰富的大脑信息是提高脑部疾病识别精度的关键。传统的静息态功能磁共振成像分析中,功能连接网络被认为是稳定不变的。提出一种基于成组独立成分分析的构建动态功能连接网络的方法,并通过该网络来获取功能网络本身的动态特性。首先,利用成组独立成分分析法提取 fMRI 数据的空间独立成分作为网络节点,并通过滑动时间窗的方法获取窗口时间序列,构建动态功能连接网络。以动态功能网络作为特征,对精神分裂症患者和正常被试数据进行分类识别。实验结果表明,该方法能够获取 fMRI 数据的时间维度信息,提高识别效果,在一定程度上能为临床诊断提供客观参照。

**关键词** 功能磁共振成像,动态功能网络,成组独立成分分析,分类识别

中图分类号 TP391.4 文献标识码 A DOI 10.11896/j.issn.1002-137X.2016.10.059

## Building of fMRI Dynamic Functional Connectivity Network and its Applications in Brain Diseases Identification

MA Shi-lin MEI Xue LI Wei-wei ZHOU Yu

(College of Electrical Engineering and Control Science, Nanjing Tech University, Nanjing 211816, China)

**Abstract** The way to extract abundant information from complex fMRI data is the key to improve the accuracy network in identification of brain diseases. For the conventional resting-state fMRI analysis, functional connectivity is assumed to be temporally stationary. A method of building dynamic functional connectivity network based on group ICA was put forward to obtain the dynamic characteristics of functional connectivity network. First, the spatial independent component of fMRI data obtained from group ICA algorithm is used as the network node. And then, the dynamic functional connectivity is built based on sliding time windows. The dynamic functional connectivity network is used as a feature to identify the healthy controls and patients with schizophrenia. Experimental results confirm that the proposed method is applicable and effective. It can obtain information of temporal dimension, improve the recognition rate at the same time, and provide an objective reference for clinical diagnosis.

**Keywords** fMRI, Dynamic functional connectivity, Group ICA, Classification and recognition

## 1 引言

功能性磁共振成像(functional Magnetic Resonance Imaging, fMRI)技术通过探测大脑血氧饱和程度的变化达到无侵入性观察大脑活动变化的目的<sup>[1]</sup>。其中,静息态功能磁共振成像(Resting-state fMRI, R-fMRI)反映的是占大脑活动能量 90% 的自发性活动,这些自发性活动被认为与精神分裂症、抑郁症、癫痫、阿尔茨海默病等一些脑部疾病相关<sup>[2,3]</sup>,近年来越来越受到研究者的关注。人脑在完成某一任务时,是通过各个功能区域的相互作用、相互协调来实现。在针对 R-fMRI 的研究中,研究者一般关注反映不同脑区之间神经生理活动相关的功能连接特性<sup>[4,5]</sup>,这些特性往往能反映正常被试与脑部疾病患者在脑功能连接上的区别,而构建功能连接

网络是最直接的研究功能连接特性的方法。

以网络结构研究大脑功能连接,首先要定义节点,定义节点的过程中要保证节点的外部独立性及内部一致性<sup>[6]</sup>。目前应用最多的方法是利用现有的生理学模板,以脑区定义节点。但是生理学模板更多关注解剖结构,而不是功能结构,而且生理学模板为固定模板,无法根据个体差异调整适用的模板。Zalesky 等人抛开生理学结构信息,定义具有相同体素数量的体素集合作为节点,并保证节点总体覆盖全脑<sup>[7]</sup>。该方法定义的大规模体素节点更多地体现了节点的独立性,对于小规模体素的节点,则更多表现出节点间的关联性,独立性并不突出。Allen 等人在研究中则使用 group ICA 提取到的独立成分作为功能的网络节点,同时验证了其节点内部具有一致性的特点<sup>[8]</sup>。

到稿日期:2015-09-06 返修日期:2015-11-13 本文受江苏省普通高校研究生创新计划项目(KYLX\_0754),2015 年江苏省六大人才高峰项目(XXRJ-012)资助。

马士林(1991—),男,硕士生,主要研究方向为医学图像处理、模式识别等,E-mail:mashilin4@163.com;梅 雪(1976—),女,博士,副教授,主要研究方向为模式识别、图像处理及计算机视觉等;李微微(1992—),女,硕士生,主要研究方向为医学图像处理、模式识别等;周 宇(1992—),男,硕士生,主要研究方向为图像处理、模式识别等。

静息态功能连接反映了大脑在静息状态下固有的活动模式,是组成所有认知活动的核心<sup>[9]</sup>。传统基于稳态分析的静息态功能连接大多是假设功能连接网络在一段时间内稳定不变。近年来,Smith等人发现多数体素的时间序列都表现出时间变化性<sup>[10]</sup>,也就是说静息态功能连接不是静止的。Hutchison等人的研究也表明静息态功能连接网络随着时间变化存在一定的波动性<sup>[11]</sup>,从而需要动态地研究功能连接网络随时间的变化情况<sup>[12]</sup>。

本文在功能网络的构建过程中,使用纯数据驱动的方法,以成组独立成分分析法(group Independent Component analysis, group ICA)提取大脑 fMRI 数据的独立成分(Independent Component, IC)作为网络节点,保证了节点的外部独立性和内部一致性,并以各 IC 之间的相关系数作为连接边来构建功能连接网络。同时,在构建功能网络的过程中,对各 IC 的时间序列采用滑动时间窗处理,形成动态功能网络,充分提取 fMRI 数据中的时间信息,并以此作为特征对 fMRI 数据进行分类识别。该方法在对精神分裂症患者和正常被试者的 fMRI 数据分类中获得了较好的分类结果。

## 2 基于 group ICA 的动态功能连接网络

### 2.1 成组独立成分分析

独立成分分析(Independent Component Analysis, ICA)是一种可以提取被线性混合在一起的未知信号的盲源信号分离方法。一般 ICA 模型的数学定义为:

$$X=AS=\sum_{i=1}^n a_i s_i \quad (1)$$

其中,  $X=[x_1, x_2, \dots, x_m]^T$  为  $m$  个零均值随机观测向量,由  $n$  个未知的零均值且相互独立的源信号  $S=[s_1, s_2, \dots, s_n]^T$  经过线性混合得到;  $A$  为满秩的源信号混合矩阵,其元素  $a_i$  为未知混合矩阵的  $m$  维列向量。

由于混合矩阵  $A$  和源信号  $S$  都是未知的,因此需要假设上述  $S$  中的单个源信号统计独立且具有非高斯分布,才能使得上述问题具备唯一的解。ICA 算法则利用上述假设在混合矩阵  $A$  和源信号  $S$  未知的情况下,通过寻找解混矩阵  $W$  获得  $n$  维的列向量  $Y(t)=[y_1(t), y_2(t), \dots, y_n(t)]^T$ ,且使得其中的  $y_j(t)$  与源信号尽可能地逼近,从而最终得到独立分量  $s_j(t)$  的估计,即:

$$Y(t)=WX(t)=WAS(t)=\hat{S}(t) \quad (2)$$

由上可知,ICA 是一种纯数据驱动的分析方法,无需先验知识,这对于 fMRI 数据的分析研究具有很大的优势,因此 ICA 逐渐成为分析和处理 fMRI 数据的重要方法。在 fMRI 数据分析中常常需要寻找不同被试间具有一致性的模式,然而由于被试间的个体差异,单个被试使用 ICA 分析后所获得的独立成分不可能完全一样,并不能将每个被试者单独使用 ICA 方法后获得的独立成分进行简单联合分析。成组独立成分分析将所有被试的 fMRI 数据连接在一起,寻找各个被试在空间上相互独立的成分,其获得的脑区活动结果具备统计学意义,且可用于组间推断。因此,本文使用成组独立成分分析对 fMRI 数据进行分析。一般来说,group ICA 方法的主要步骤分为数据降维、独立成分估计以及数据反重构<sup>[13]</sup>。

数据降维:设预处理后第  $i$  个被试的 fMRI 数据为一个  $K \times V$  的矩阵  $Y_i$ ,单个被试使用 PCA 方法降维后得到  $X_i=F_i^{-1}Y_i$ ,其中  $F_i^{-1}$  是大小为  $L \times K$  的 PCA 降维矩阵,  $X_i$  为单个被试降维后的 fMRI 数据。其中  $K$  为单个被试 fMRI 数据的时间点个数,  $L$  为降维后时间维度大小,  $V$  为体素个数。单个被试数据降维后,将所有被试数据连接到一个矩阵中,进行二次降维,有:

$$X=G^{-1} \begin{bmatrix} F_1^{-1}Y_1 \\ F_2^{-1}Y_2 \\ \vdots \\ F_M^{-1}Y_M \end{bmatrix} \quad (3)$$

其中,  $X$  表示所有被试连接成组降维后的 fMRI 数据,其为一个  $N \times V$  的矩阵,  $N$  表示要估计的独立成分的个数;  $G^{-1}$  为  $N \times LM$  的 PCA 降维矩阵;  $M$  表示被试数目。

独立成分估计:对 fMRI 数据降维之后,需要对数据进行独立成分的估计和分离,基于 ICA 的独立成分分析有多个算法,如快速独立成分分析(FastICA)、信息极大化(Infomax)、二阶盲辨识(SOBI)等,本文采用极大化输出信息熵的 Infomax 方法。根据 ICA 算法可得:

$$X=\hat{A}\hat{S} \quad (4)$$

其中,  $\hat{A}$  为  $N \times N$  的混合矩阵,包含群组独立成分时间序列;  $\hat{S}$  为  $N \times V$  的矩阵,其中包含群组独立成分的空间信息。再由式(3)得到:

$$G\hat{A}\hat{S}=\begin{bmatrix} F_1^{-1}Y_1 \\ F_2^{-1}Y_2 \\ \vdots \\ F_M^{-1}Y_M \end{bmatrix} \quad (5)$$

由以上估计可得到  $\hat{A}$  和  $\hat{S}$ 。

数据反重构:通过上述独立成分的估计得到群组的独立成分,为了得到单个被试的独立成分,必须对得到的群组独立成分进行反重构。将式(5)进一步写为:

$$\begin{bmatrix} G_1\hat{A}_1 \\ G_2\hat{A}_2 \\ \vdots \\ G_M\hat{A}_M \end{bmatrix} \hat{S}=\begin{bmatrix} F_1^{-1}Y_1 \\ F_2^{-1}Y_2 \\ \vdots \\ F_M^{-1}Y_M \end{bmatrix} \quad (6)$$

其中第  $i$  个被试可表示为:

$$G_i\hat{A}_i\hat{S}_i=F_i^{-1}Y_i \quad (7)$$

$\hat{S}_i$  中包含了第  $i$  个被试的独立成分,对式(7)进行变换可得:

$$\hat{S}_i=(G_i\hat{A}_i)^{-1}F_i^{-1}Y_i \quad (8)$$

$$Y_i=F_iG_i\hat{A}_i\hat{S}_i \quad (9)$$

式(9)中,第  $i$  个被试的独立成分包含于原始数据  $Y_i$  中,  $\hat{S}_i$  为一个  $N \times V$  的矩阵,包含个  $N$  个信号源;  $F_iG_i\hat{A}_i$  为一个  $K \times N$  的混合矩阵,包含了  $N$  个独立成分的时间序列。

成组独立成分分析在没有先验知识的情况下,分离出 fMRI 信号中的空间上相互独立成分,算法主要流程如图 1 所示。

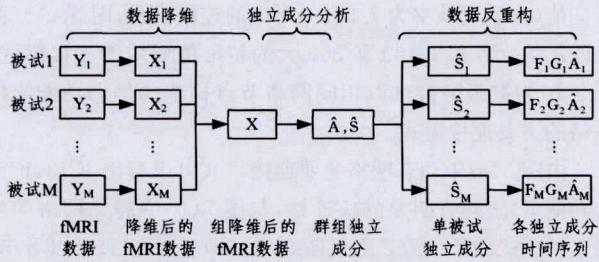


图1 成组独立成分分析法的流程图

## 2.2 fMRI 动态功能连接网络

构建功能连接网络时,首先需要定义节点,随后选择合适的方法衡量节点时间序列的相似性,并将这些相似性的值作为功能连接矩阵的权值。以上就是将一个复杂的大脑模型抽象成一个数学模型的过程。

定义网络节点的方法中,一般使用生理学模板,如 AAL 模板 (Automated Anatomical Labeling), 将每个独立脑区作为节点。但是每个人的大脑结构都有各自的特点,使用标准模板去分割脑区常常会出现错分割或者畸形等问题,不能准确地将每个被试的功能区域定义为同一个节点。定义节点的过程中,一般要求节点具有内部一致性和外部独立性。成组独立成分分析法在盲源信号分离的过程中无需先验知识即可分离出 fMRI 信号中相互独立的信号源;同时,组推断的过程避免了分别对单个被试进行独立成分分析后,各独立成分次序的不确定性。因此,本文使用纯数据驱动的 group ICA 算法分离出各个被试 fMRI 信号的独立成分,以大脑的空间独立成分作为功能连接网络的节点。

由 group ICA 算法的流程可知,组被试数据经过降维、独立成分分析和数据反重构之后,获得单个被试  $\hat{N}$  个独立成分的时间序列  $F_i G_i \hat{A}_i$ , 去除明显的噪声成分后,选取  $N(N < \hat{N})$  个独立成分作为功能网络的节点。

本文构建的脑功能连接网络为无向网络,网络连接边不包含方向信息。本文选用 Pearson 相关系数来衡量各节点间的相似性,并作为连接边,其相关系数表示为:

$$\rho_{i,j} = \frac{\text{cov}(i,j)}{\sigma_i \sigma_j} \quad (10)$$

其中,  $\text{cov}(i,j)$  表示两个独立成分时间序列的协方差,  $\sigma_i$  和  $\sigma_j$  分别表示两个独立成分时间序列的标准差。

传统构建脑功能网络的方法通常使用被试者各脑区或节点的整个时间序列及其相关性去构建一个静态的网络,进而分析不同被试者脑功能连接上的区别。然而,静息态 fMRI 反映的自发认知活动是一种非稳定的活动,用静态功能网络来衡量这种活动会丢失部分时间维度上的信息<sup>[14]</sup>, 不能充分利用 fMRI 技术时间分辨率高的特点。功能网络状态随时间的变化往往能够反映无约束大脑活动的非稳定特征,正确发现这类特征对理解脑部活动至关重要。

本文采用滑动时间窗的操作,将一个完整的时间序列划分为若干个相互重叠的窗口时间序列,用这些窗口时间序列构建动态脑功能连接网络,充分挖掘静息态 fMRI 数据中的时间信息。具体的构建动态功能网络步骤如下。

1) 使用每个被试 fMRI 数据  $N$  个独立成分的时间序列网络作为节点,其为一个  $N \times K$  的矩阵,  $K$  为时间序列长度;

2) 选取合理的窗口大小  $w$  和滑动步长  $s$ , 将整个时间序列划分为  $l$  个时间窗口, 其中  $l = \frac{K-w}{s}$ ;

3) 计算每个窗口时间序列间的 Pearson 相关系数矩阵  $\rho$  (大小为  $N \times N$ ), 每个被试构建  $l$  个功能连接矩阵, 使用 Fisher's  $z$  变换求得每个系数矩阵的  $z$  值矩阵;

4) 将全部  $l$  个窗口的功能连接矩阵上的三角元素向量化, 并排列得到动态功能连接矩阵  $C_i$ , 其大小为  $\frac{N^2-N}{2} \times l$ , 其中  $i$  为被试编号。

构建动态功能连接网络过程如图 2 所示。

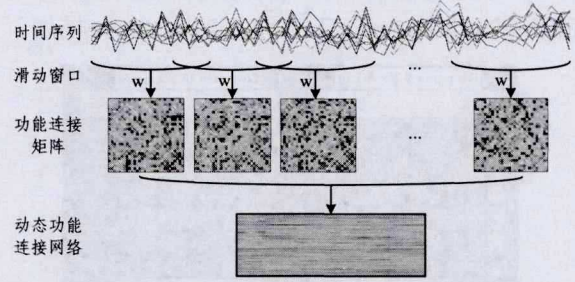


图2 动态功能连接网络构建过程示意图

## 3 实验及分析

针对本文算法,使用精神分裂症和健康被试数据进行实验验证。对预处理后的实验数据,首先使用 group ICA 提取空间独立成分作为网络节点并构建动态功能连接网络,进而使用 PCA 提取动态网络的主要连接模式作为特征进行分类识别。具体流程如图 3 所示。

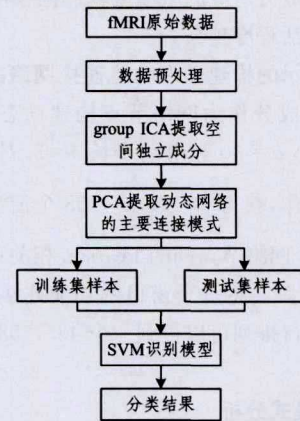


图3 基于 fMRI 动态功能连接网络的识别流程图

### 3.1 实验数据及预处理

本文所用数据来源于美国奥林神经精神病研究中心。实验数据包含有 28 名正常被试和 28 名精神分裂症 (Schizophrenia, SZ) 患者, 两组被试各包含 9 名女性, 所有受试者均签署了同意参加实验的承诺书。其中精神分裂症疾病根据精神疾病统计与诊断手册第四版 (DSM-IV) 诊断确定。采集静息态功能磁共振图像数据的仪器为西门子公司公司的 Allegra 3T 磁共振采集系统。功能像采用 GRE-EPI 序列采集, 重复时间  $TR=1500\text{ms}$ , 回波时间  $TE=27\text{ms}$ , 视野  $FOV=24 \times 24\text{cm}^2$ ,

翻转角  $FA=90^\circ$ , 层厚 4mm, 层间距 1mm。所有被试参加了 5min 的静息态扫描, 扫描过程中要求保持安静, 不能睡着, 眼睛不能打转并保持睁眼状态。原始数据采用 SPM8 软件进行预处理, 通过对原始 fMRI 信号的时间层校正及空间校正来消除机器、人体心跳呼吸等噪声数据, 经过图像配准、平滑处理、去线性漂移、滤波后得到标准化的可分析数据格式。

### 3.2 构建动态功能连接网络

对预处理后的 fMRI 数据, 使用 group ICA 算法提取各被试的独立成分, 以此为网络节点构建动态功能连接网络。设定大脑 fMRI 信号独立成分个数  $N=30$ , 基于上述 group ICA 算法流程, 将被试组 56 个实验参与者的 fMRI 数据经过降维、独立成分估计和数据反重构后得到每个被试 fMRI 信号的 30 个独立成分, 各独立成分时间序列长度  $K=204$ 。得到的第一个被试的 9—12 号独立成分结果如图 4 所示。

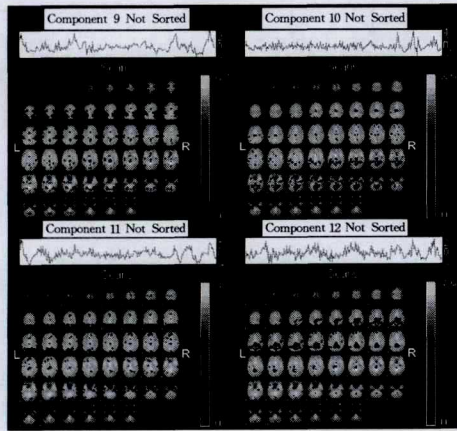


图 4 第一个被试的 9—12 号独立成分

图 4 中上方曲线表示各独立成分的时间序列, 下方激活图表示空间独立成分对应的激活区域, 由上到下, 颜色越深表示对应区域的激活程度越高。

根据图 2 所示的构建动态功能连接网络的过程, 以各被试大脑空间独立成分作为网络节点构建动态功能连接网络时, 设定窗口大小  $w=30$  和滑动步长  $s=3$ , 对各独立成分采用滑动时间窗操作, 获得  $l=\frac{K-w}{s}=58$  个窗口序列, 计算每一个窗口中 30 个网络节点间的 Pearson 相关系数, 组成  $30 \times 30$  的功能连接矩阵。将每个窗口的功能连接矩阵中上三角元素向量化后进行排列可以得到一个  $435 \times 58$  的动态网络矩阵。

### 3.3 功能连接模式分析

为了分析动态功能连接矩阵中的主要连接模式, 对所得到的全部动态功能连接矩阵  $C_i$  进行主成分分析 (Principle Component Analysis, PCA)。PCA 通过提取对方差贡献最大的特征来保留主要成分。以健康组被试为例, 对于每个被试的动态功能连接矩阵  $C_i$ , 首先减去其均值  $\bar{C}_i$ , 然后将所有被试去均值后的连接矩阵组成一个新的矩阵  $\bar{C}=[C_1-\bar{C}_1, C_2-\bar{C}_2, \dots, C_{28}-\bar{C}_{28}]$ , 其大小为  $435 \times (58 \times 28)$ 。对  $\bar{C}$  进行主成分分析后, 得到一个新正交特征空间中的特征向量, 前  $k$  个最大的特征值对应的特征向量即为健康组被试对应的连接模式。图 5 示出健康组被试动态网络连接模式, 图 5(a) 是最大

特征值 (方差贡献率为 7.01%) 对应的连接模式, 图 5(c) — 图 5(f) 分别为第 2, 3, 100 和 300 大的特征值对应的连接模式, 图 5(b) 为健康组被试以相同网络节点构建的静态功能连接网络的主要连接模式。

由图 5(a) 中动态网络主要连接模式可以看出 IC13、IC25 和其他 IC 之间有明显的负连接, 与图 5(b) 中静态网络的主要连接模式趋于一致。对比图 5(c)、(d) 和 (e)、(f) 可以看出, (e)、(f) 中的连接模式明显不具有结构性, 说明经 PCA 计算后的高阶成分不含有有意义的连接模式。

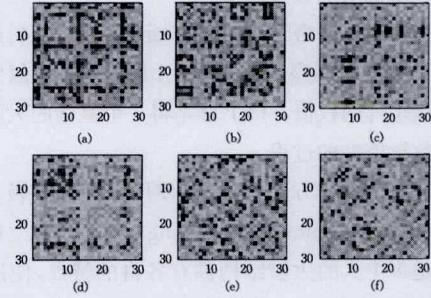


图 5 健康组被试的动态网络连接模式

## 4 基于动态网络的分类识别

### 4.1 仿真实验

为了验证以本文方法构建的动态功能连接网络在脑部疾病识别中能够提取到更为丰富的大脑信息, 本文以精神分裂症和健康被试为例, 使用动态功能连接网络作为特征对两组被试进行分类研究。

实验过程, 使用 group ICA 提取大脑的空间独立成分作为节点, 分别构建动态功能连接网络和传统的静态功能网络。将每个被试动态网络矩阵经 PCA 技术降维后能量贡献最大的“主要连接模式”向量化, 以此为特征, 使用支持向量机 (SVM) 对精神分裂症患者和健康被试的 fMRI 数据进行分类识别; 传统静态网络则以向量化的功能连接矩阵为特征进行识别。同时, 计算在样本数据中两种特征的可分性, 以此验证动态功能连接网络在脑部疾病识别中的优势。作为对比, 以 AAL 模板中默认脑区的平均体素时间序列作为节点, 以同样的方法构建动态功能网络和静态功能网络, 并分别提取特征进行识别。

### 4.2 实验结果

计算动态网络和静态网络两种特征的可分性时, 使用基于类内类间距离的可分性判据  $J_d(x)$ ,  $J_d(x)$  越大表明对于样本数据, 以该特征进行分类的可分性越强。

$$J_d(x) = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^c P_i \sum_{j=1}^c P_j \frac{1}{n_i n_j} \sum_{k=1}^{n_i} \sum_{l=1}^{n_j} \delta(x_k^{(i)}, x_l^{(j)}) \quad (11)$$

在欧氏距离下:

$$\delta(x_k^{(i)}, x_l^{(j)}) = (x_k^{(i)} - x_l^{(j)})^T (x_k^{(i)} - x_l^{(j)}) \quad (12)$$

其中,  $c$  为类别数,  $n_i$  和  $n_j$  分别为  $\omega_i$  类和  $\omega_j$  类中的样本数,  $P_i$  和  $P_j$  是对应类别的先验概率,  $x_k^{(i)}$  和  $x_l^{(j)}$  分别为  $\omega_i$  类和  $\omega_j$  类中特征向量。

由于样本数量的限制, 分类过程中选用留一法 (Leave-One-Out, LOO) 进行交叉验证。分类精度将量化为识别精度 GR、灵敏度 SS、特异度 SC。

$$GR = \frac{TP + TN}{TP + FN + TN + FP} \quad (13)$$

$$SS = \frac{TP}{TP + FN} \quad (14)$$

$$SC = \frac{TN}{TN + FP} \quad (15)$$

其中,  $TP$  和  $TN$  分别代表正确识别 SZ 患者的人数和正确识别正常被试的人数,  $FP$  和  $FN$  代表正常被试被识别为 SZ 患者的人数以及 SZ 患者被识别为正常被试的人数。灵敏度可以衡量该方法正确识别出患者的能力, 特异度衡量的是正确识别无病者的能力。实验结果如表 1 所列。

表 1 各类特征的可分性和分类结果

|                    | 特征可分性  | 识别精度 (%) | 灵敏度 (%) | 特异度 (%) |
|--------------------|--------|----------|---------|---------|
| 基于 AAL 的静态网络       | 573.66 | 69.64    | 64.29   | 75      |
| 基于 AAL 的动态网络       | 700.40 | 75       | 78.57   | 71.42   |
| 基于 group ICA 的静态网络 | 668.25 | 73.21    | 75      | 78.57   |
| 基于 group ICA 的动态网络 | 998.57 | 80.36    | 82.14   | 78.57   |

从表 1 可以看出, 使用本文方法时, 以 group ICA 提取全脑信号的独立成分作为网络节点, 并将构建的动态功能连接网络作为特征进行分类识别, 可以使分类精度达到 80.36%, 高于其他方法的识别率。而且, 使用动态网络作为识别特征时, 特征向量的可分性远大于传统的静态功能连接网络, 识别效果也较好, 这表明使用动态功能网络作为 fMRI 数据的分类特征能够提取到更多的对分类识别有用的信息。同时本文方法在灵敏度和特异度等指标上也较传统方法有一定的提升, 具有较强的泛化能力。使用动态功能连接网络进行识别的过程中, 灵敏度高, 正确识别出患者的能力较强, 能够为临床诊断提供一定程度上的客观参考。

**结束语** 本文针对 fMRI 功能连接网络的构建过程, 提出了一种基于 group ICA 算法提取网络节点并构建动态功能连接网络的方法。使用成组独立成分分析法提取大脑空间独立成分作为网络节点, 利用滑动时间构建动态功能连接网络, 并以此作为特征进行识别。将该方法应用在健康被试和精神分裂症患者的 fMRI 功能网络构建中, 并对其进行分类识别, 研究结果表明该方法无需医学先验知识, 可以保证网络节点的外部独立性和内部一致性, 并且能有效提取 fMRI 数据时间维度的信息, 以此为特征的分类过程能够提高分类正确率, 为临床诊断提供参考。然而, 使用动态功能网络作为特征进行识别时还存在特征维数过高等问题, 寻找更加有效的降维和特征选择方法将是进一步的研究方向。

**致谢** 感谢美国 The Mind Research Network 实验室的 Yu Qingbao 博士在研究过程和论文撰写中的答疑; 本文在实验中所用数据来自美国 Hartford 的 Olin Neuropsychiatry 研究中心。

## 参考文献

[1] Biswal M J, Mock B J, Sorenson J A. Functional connectivity in the motor cortex of resting human brain using echo-planar MRI [J]. Magnetic Resonance in Medicine Official Journal of the So-

ciety of Magnetic Resonance in Medicine, 1995, 34(4): 537-541

[2] Liu Guang-yao, Jiang Jian, Yang Xiao-ping, et al. Research Progress of Resting-state fMRI in Nerves and Mental Diseases [J]. Progress in Modern Biomedicine, 2012, 12(35): 6998-7000 (in Chinese)

刘光耀, 蒋健, 杨晓萍, 等. 静息态 fMRI 在神经、精神类疾病中的研究进展 [J]. 现代生物医学进展, 2012, 12(35): 6998-7000

[3] Meda S A, Gill A, Stevens M C, et al. Differences in resting-state functional magnetic resonance imaging functional network connectivity between schizophrenia and psychotic bipolar probands and their unaffected first-degree relatives [J]. Biological Psychiatry, 2012, 71(10): 881-889

[4] Yang Yan-li. The Study of Functional Connectivity Analysis Methods Based on Resting State fMRI [D]. Taiyuan: Taiyuan University of Technology, 2012 (in Chinese)

杨艳丽. 基于静息态 fMRI 的功能连接分析方法研究 [D]. 太原: 太原理工大学, 2012

[5] Price C J, Friston K J. Functional Imaging Studies of Neuropsychological Patients: Applications and Limitations [J]. Neurocase, 2002, 8(5): 345-354

[6] Chen Jun-jie, Li Hai-fang, Xiang Jie, et al. Human Connectome Research: Construction, Analysis and Application [J]. Journal of Taiyuan University of Technology, 2012, 43(3): 329-333 (in Chinese)

陈俊杰, 李海芳, 相洁, 等. 脑网络组学构建分析及应用研究 [J]. 太原理工大学学报, 2012, 43(3): 329-333

[7] Zalesky A, Fornito A, Harding I H, et al. Whole-brain anatomical networks: does the choice of nodes matter? [J]. Neuroimage, 2010, 50(3): 970-983

[8] Allen E A, Erhardt E B, Wei Y, et al. Capturing inter-subject variability with group independent component analysis of fMRI data: a simulation study [J]. Neuroimage, 2012, 59(4): 4141-4159

[9] Yang Jian, Chen Shu-shen, Huangfu Hao-ran, et al. Dynamic functional connectivity of electroencephalogram in the resting state [J]. Acta Physica Sinica, 2015, 64(5): 374-383 (in Chinese)

杨剑, 陈书桑, 皇甫浩然, 等. 静息态脑电信号动态功能连接分析 [J]. 物理学报, 2015, 64: 58701-058701

[10] Smith S M, Miller K L, Salimi-Khorshidi G, et al. Network modelling methods for fMRI [J]. Neuroimage, 2011, 54(2): 875-891

[11] Hutchison R M, Womelsdorf T, Allen E A, et al. Dynamic functional connectivity: Promise, issues, and interpretations [J]. NeuroImage, 2013, 80(1): 360-378

[12] Allen E A, Damaraju F, Plis S M, et al. Tracking Whole-Brain Connectivity Dynamics in the Resting State [J]. Cerebral Cortex, 2014, 24(3): 663-676

[13] Calhoun V D, Adali T, Pearlson G, et al. A method for making group inferences from functional MRI data using independent component analysis [J]. Human Brain Mapping, 2001, 14(3): 140-151

[14] Leonardi N, Richiardi J, Gschwind M, et al. Principal components of functional connectivity: a new approach to study dynamic brain connectivity during rest [J]. Neuroimage, 2013, 83(4): 844-859