



计算机科学

COMPUTER SCIENCE

基于多视图自编码器的多被试者脑影像功能校准

黄硕, 孙亮, 汪美玲, 张道强

引用本文

黄硕, 孙亮, 汪美玲, 张道强. 基于多视图自编码器的多被试者脑影像功能校准[J]. 计算机科学, 2024, 51(3): 141-146.

HUANG Shuo, SUN Liang, WANG Meiling, ZHANG Daoqiang. [Multi-view Autoencoder-based Functional Alignment of Multi-subject fMRI](#) [J]. Computer Science, 2024, 51(3): 141-146.

相似文章推荐 (请使用火狐或 IE 浏览器查看文章)

Similar articles recommended (Please use Firefox or IE to view the article)

[一种面向脑疾病诊断的图卷积网络对抗攻击方法](#)

Graph Convolutional Network Adversarial Attack Method for Brain Disease Diagnosis

计算机科学, 2022, 49(12): 340-345. <https://doi.org/10.11896/jsjx.220500185>

[基于多尺度的稀疏脑功能超网络构建及多特征融合分类研究](#)

Construction and Multi-feature Fusion Classification Research Based on Multi-scale Sparse Brain Functional Hyper-network

计算机科学, 2022, 49(8): 257-266. <https://doi.org/10.11896/jsjx.210600094>

[面向多中心数据的超图卷积神经网络及应用](#)

Multi-site Hyper-graph Convolutional Neural Networks and Application

计算机科学, 2022, 49(3): 129-133. <https://doi.org/10.11896/jsjx.201100152>

[面向5G的命名数据网络物联网研究综述](#)

Survey on Internet of Things Based on Named Data Networking Facing 5G

计算机科学, 2020, 47(4): 217-225. <https://doi.org/10.11896/jsjx.191000157>

[fMRI 动态功能网络构建及其在脑部疾病识别中的应用](#)

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

计算机科学, 2016, 43(10): 317-321. <https://doi.org/10.11896/j.issn.1002-137X.2016.10.059>

基于多视图自编码器的多被试者脑影像功能校准

黄硕 孙亮 汪美玲 张道强

南京航空航天大学脑机智能技术教育部重点实验室 南京 211106

南京航空航天大学计算机科学与技术学院 南京 211106

(huangshuo@nuaa.edu.cn)

摘要 功能磁共振成像(functional Magnetic Resonance Imaging, fMRI)研究面临的主要挑战之一是不同被试者 fMRI 数据的异质性。一方面,多被试数据分析对于确定所生成结果跨被试的通用性和有效性至关重要。另一方面,分析多被试者 fMRI 数据需要在不同被试者的神经活动之间进行准确的解剖和功能校准,以提升最终结果的性能。然而,现有大多数功能校准研究都采用浅层模型来处理多被试者间的复杂关系,这严重束缚了多被试信息的建模能力。为此,提出了一种基于多视图自编码器的功能校准(Multi-view Auto-encoder Functional Alignment, MAFA)方法。具体地,该方法通过重构不同被试者的响应空间来学习节点嵌入,捕获不同被试者之间共享的特征表示,从而创建一个公共的响应空间。此外,通过引入自训练聚类目标,利用高置信度节点作为软标签来监督图聚类过程。在 4 个数据集上的实验结果表明,相比其他多被试者脑影像功能校准方法,所提方法在解码精度方面取得了最佳效果。

关键词: 功能磁共振成像;功能校准;多视图表示学习;多被试分析;脑解码

中图分类号 TP391

Multi-view Autoencoder-based Functional Alignment of Multi-subject fMRI

HUANG Shuo, SUN Liang, WANG Meiling and ZHANG Daoqiang

Key Laboratory of Brain-Machine Intelligence Technology Ministry of Education, Nanjing University of Aeronautics and Astronautics, Nanjing 211106, China

College of Computer Science and Technology, Nanjing University of Aeronautics and Astronautics, Nanjing 211106, China

Abstract One of the major challenges in functional magnetic resonance imaging(fMRI) research is the heterogeneity of fMRI data across different subjects. On the one hand, analyzing multi-subject data is crucial for determining the generalizability and effectiveness of the generated results across subjects. On the other hand, analyzing multi-subject fMRI data requires accurate anatomical and functional alignment among the neural activities of different subjects to enhance the performance of the final results. However, most existing functional alignment studies employ shallow models to handle the complex relationships among multiple subjects, severely limiting the modeling capacity for multi-subject information. To solve this problem, this paper proposes a multi-view auto-encoder functional alignment(MAFA) method based on multi-view auto-encoders. Specifically, our method learns node embedding by reconstructing the response spaces of different subjects, capturing shared feature representations among subjects, and creating a common response space. We also introduce the graph clustering process by introducing self-training clustering objectives using high-confidence nodes as soft labels. Experimental results on four datasets demonstrate that the proposed method achieves the best decoding accuracy compared to other multi-subject fMRI functional alignment methods.

Keywords Functional magnetic resonance imaging, Functional alignment, Multi-view representation learning, Multi-subject analysis, Brain decoding

1 引言

在神经科学和机器学习领域,探究人类大脑如何工作是

研究的主要问题之一。大脑是人类记忆、情感和思想的源泉,深入了解人脑工作机制可以促进科学、教育、心理、临床医学等社会各个领域的发展与进步^[1-3]。随着现代技术的发展,

到稿日期:2023-06-21 返修日期:2023-11-30

基金项目:国家自然科学基金(62136004,61732006,62006115,62106104);国家重点研发计划(2018YFC2001600,2018YFC2001602);中国博士后科学基金(2022T150320);中国人工智能协会(CAIA)—华为 MindSpore 开放基金

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China(62136004,61732006,62006115,62106104), National Key R&D Program of China(2018YFC2001600,2018YFC2001602), China Postdoctoral Science Foundation(2022T150320) and Chinese Association for Artificial Intelligence(CAIA)—Huawei MindSpore Open Fund.

通信作者:张道强(dqzhang@nuaa.edu.cn)

我们可以使用多种方法来测量大脑神经活动,如单光子发射计算机断层扫描(Single-Photon Emission Computed Tomography, SPECT)、正电子发射断层扫描(Positron Emission Tomography, PET)、近红外光谱(Near-Infrared Spectroscopy, NIRS)、事件相关光信号(Event-Related Optical Signals, EROS)、脑电图(Electroencephalography, EEG)、脑磁图(Magnetoencephalography, MEG)、皮层电描记术(Electrocorticography, ECoG)和功能磁共振成像(functional Magnetic Resonance Imaging, fMRI)。与其他测量方法相比, fMRI 具有以下两个主要优点: 1) 作为一种非侵入式测量技术, 其利用血氧水平依赖(Blood-Oxygen-Level-Dependent, BOLD)信号测量血流中的代谢变化, 从而间接估计大脑活动; 2) 它可以在不产生任何已知副作用的前提下, 提供具有超高空间分辨率的图像, 从而为分析神经活动提供更加准确的信息^[4-6]。

近年来, 人们在人脑神经活动数据集分析方面取得了较大进展, 但获取更多大规模、复杂和珍贵的 fMRI 数据仍然面临许多困难和挑战^[1, 6-8], 解决这些问题已成为统计学和机器学习领域重要的研究议题之一。在 fMRI 研究中, 使用多被试者数据集具有非常关键作用。一方面, 多被试分析对于验证实验结果的泛化性和有效性至关重要; 另一方面, 为了考虑不同被试者之间的差异性, 多被试 fMRI 数据分析需要在不同被试者的神经活动之间进行准确的功能和生理结构校准, 以便提高最终实验结果的精度^[9-10]。在这种情况下, 校准的主要目标是消除由不同被试者的生理和神经结构差异引起的误差, 从而更准确地比较不同被试者之间的神经活动。这种校准需要借助一些方法, 如神经配准、脑图像分析和机器学习等。这些方法可以帮助研究人员识别出不同被试者之间的共同特征和差异, 并在此基础上推断不同神经结构和功能之间的关系。虽然多被试 fMRI 数据集的使用可能会增加分析的复杂性, 但它也能够提供更加全面和准确的实验结果, 从而进一步推动我们对大脑活动的理解。因此, 在未来的研究中, 使用多被试 fMRI 数据集是非常重要的。

校准方法主要包括两种: 生理结构校准和功能校准, 它们可以结合起来使用。生理结构校准是采用结构 MRI 图像(如基于生理结构特征)进行校准的最常用方法, 比如 Talairach 对齐^[11]。然而, 该方法的精度较低, 因为不同被试者的脑功能区的大小、形状和生理结构各不相同。实际上, 在许多 fMRI 研究中, 生理结构校准仅用于预处理步骤。相比之下, 功能校准试图直接校准不同被试者的大脑神经响应。超校准(Hyperalignment, HA)是最著名的功能校准方法之一。在数学上超校准可以通过典型相关分析(Canonical Correlation Analysis, CCA)^[12-13]表示, 因此, 可以将用于多被试 fMRI 研究的超校准定义为多视图 CCA。然而, 传统的多被试者超校准研究通常会忽略被试者在面对同种刺激时表现出的一些共同的神经响应特征, 而仅仅关注每个被试者的信息和彼此之间的差异。尽管多被试信息从不同的角度反映了他们的相互关系, 但他们应该具有一些共同的节点特征。本研究提出了一种基于多视图自编码器的脑影像功能校准方法。传统的多被试者 fMRI 功能校准方法仅单独提取每个被试者的特征

表示, 忽略了共享特征对于任务的重要性。因此, 我们采用多视图自编码器, 将每个被试者的数据分别输入对应的视图中, 对通过训练得到的共同表示进行编码和解码, 从而实现功能校准。该方法通过重构不同被试者的响应空间来学习节点嵌入, 从而创建一个公共的响应空间, 以挖掘不同被试者的共享特征表示。本文的主要创新点包括:

1) 提出了一种基于多视图自编码器的功能校准方法, 挖掘不同被试者的共享特征表示。

2) 使用多视图数据来学习共同表示, 同时利用这些共同表示进行聚类。通过联合优化这两个过程, 更好地挖掘不同被试者之间的共享特征表示, 且更准确地区分不同的神经响应模式。

3) 实验结果表明, 所提方法优于目前最先进的多被试者脑影像功能校准方法, 提高了解码精度。

本文第 2 章介绍多被试者 fMRI 数据功能校准的相关方法和研究现状; 第 3 章介绍本文构建的基于多视图自编码器的多被试者脑影像功能校准方法; 第 4 章通过与现有方法进行比较实验验证了本文方法的有效性; 最后总结全文并展望未来。

2 相关工作

根据技术的不同, 多被试者脑影像功能校准主要包括两种类型: 超校准(Hyperalignment, HA)和共享响应模型(Shared Response Model, SRM)。超校准是一种目前被广泛使用的功能校准方法^[1, 5-10], 是一种不涉及解剖学的功能校准方法, 原始的 HA 不能在非常高的维度空间中使用^[5]。为了将 HA 扩展到现实问题中, Xu 等^[8]开发了正则化超校准(Regularized Hyperalignment, RHA)方法, 利用期望最大化(expectation-maximization, EM)算法迭代寻找正则化最优参数。Lorbert 等^[4]阐述了 HA 方法在 fMRI 响应的线性表示方面的局限性。他们还提出了核超校准(Kernel Hyperalignment, KHA)方法作为功能校准的一种非线性替代, 在嵌入空间中解除 HA 的限制。虽然 KHA 可以解决非线性和高维问题, 但其性能受到所采用的固定核函数的限制。Chen 等提出了一系列重要的功能校准方法。首先, 他们提出了奇异值分解超校准(Singular Value Decomposition Hyperalignment, SVDHA)^[9], 并使用联合 SVD 对响应矩阵进行分解。然后通过 HA 方法将被试者的神经响应模式映射到维度更小的新特征空间中, 该方法在不牺牲分类准确度的情况下加快了计算速度。Guntupalli 等^[10]基于原始 HA 开发了一个共享表征空间的线性模型。该模型可以通过响应调优的基本功能来追踪不同神经响应之间的细微差别, 而这些功能在被试者和模型中都是通用的。该方法将脑图像划分为多个小的 Patch 块, 然后在每个 Patch 上分别拟合一个准 CCA 模型。通过使用多个准 CCA 模型的集成, 可以从不同 Patch 中捕获脑影像的局部相关性。此外, Yousefnezhad 等开发了一种基于参数的深度核方法, 并将该方法命名为深度超校准(Deep Hyperalignment, DHA)^[14]。通过 DHA 解决了非线性问题, 同时提升了分类预测性能。此外, 他们还提出了两种有监督的方法, 分别为局部判别超校准(Local Discriminant Hyperalignment,

LDHA)^[15] 和监督超校准 (Supervised Hyperalignment, SHA)^[16]。由于使用了监督技术,在共享空间中,来自同一类别的刺激之间可能会有更多的关联,而来自其他类别的刺激之间的关联可能会较少。

除了一系列超校准方法之外,共享响应模型 (Shared Response Model, SRM)^[17] 也是一种常用的多被试脑影像数据分析方法,其基本思想是将多个被试者的脑影像数据通过主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA) 技术投影到一个共享的低维空间中,从而提取出被试者之间的共享信息,同时保留个体差异性。此外,卷积自编码器 (Convolutional Autoencoder, CAE) 方法作为一种非线性技术被开发出来,用于全脑 fMRI 数据^[18]。该方法将 SRM 重新定义为多视图的自编码器,然后使用“探照灯”(SearchLight, SL) 进行分析,以提高生成的分类模型 (认知解码模型) 的稳定性和鲁棒性。由于

CAE 同时采用了 SRM 和 SL,因此其时间复杂度很高。

3 本文方法

本文提出了一种基于多视图自编码器的多被试者 fMRI 功能校准方法。如图 1 所示,所提模型主要由信息编码器和多个解码器组成,每个解码器对应一个视图,即一个被试者。目标是 minimized 被试者的校准重构误差,从而针对不同被试者学习公共的特征表示。这种方式可以学习共享表示、吸收不同视图的特征。此外,模型使用由学习嵌入本身生成的软标签来监督自编码器的学习过程。多视图自编码器在一个统一的框架中进行了优化,从而获得一个信息丰富的编码器,使表示更适合多被试者的校准任务,可以自动学习不同被试者之间的共同表示,因此可以很好地处理多被试者数据中的个体差异,提高校准的精度。

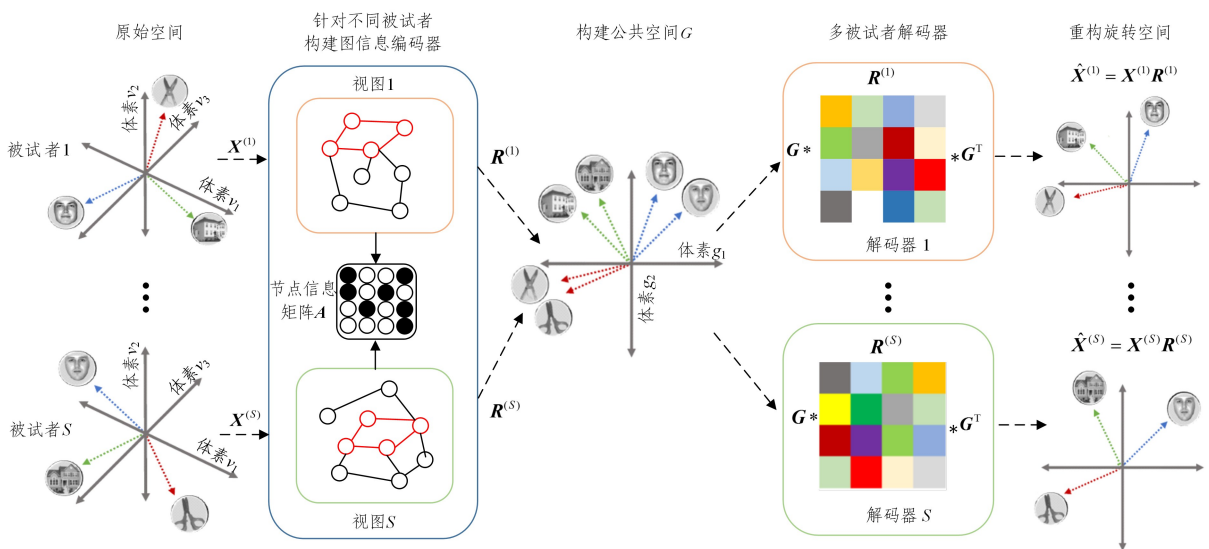


图 1 基于多视图自编码器的功能校准模型框架图

Fig. 1 Schematic diagram of the proposed multi-view auto-encoder-based functional alignment method

3.1 多被试者神经响应空间的构建

脑影像相关描述: 设 S 为被试者的数量, V 为体素的数量 (将其视为一个一维向量), T 为以重复时间 (Time of Repetitions, TRs) 为单位的時間点的数量。第 ℓ 个被试者预处理后的脑影像 (神经响应) 定义为 $\mathbf{X}^{(\ell)} \in \mathbb{R}^{T \times V}$, $\ell = 1, \dots, S$ 。这里, 我们对神经响应矩阵的每一列进行归一化处理, 即 $\mathbf{X}^{(\ell)} \sim \mathcal{N}(0, 1)$, $\ell = 1, \dots, S$ 。我们提出如下的目标函数作为可扩展的功能校准:

$$\arg \min_{\mathbf{R}^{(\ell)}, \mathbf{G}} \sum_{\ell=1}^S \|\mathbf{X}^{(\ell)} \mathbf{R}^{(\ell)} - \mathbf{G}\|_F^2 \quad (1)$$

$$\text{s. t. } \mathbf{G}^T \mathbf{G} = \mathbf{I}$$

其中, $\mathbf{G} \in \mathbb{R}^{T \times V}$ 是共享空间, $\mathbf{R}^{(\ell)} \in \mathbb{R}^{V \times V}$ 是第 ℓ 个被试者的映射矩阵, 可以将属于第 ℓ 个被试者的原始体素空间转换到共享空间。这里, 我们的目标函数与经典的功能校准技术主要有两个区别。首先, 经典的功能校准方法中的共享空间是所有特征在映射后简单地取平均值, 即 $\mathbf{G} = 1/S \sum_{\ell=1}^S \mathbf{X}^{(\ell)} \mathbf{R}^{(\ell)}$ 。这个简单的平均值无法有效地控制共享空间中的噪声。此外, 它的计算效率也不高。其次是约束条件。这里, 我们假设共享空间必须使 $\mathbf{G}^T \mathbf{G} = \mathbf{I}$ 。

3.2 多被试者自编码器

3.2.1 多视图信息编码器

功能校准的一个关键假设是不同被试者在相同时间点接收到相同类型的刺激, 因此存在被试之间的共享信息。然而, 在许多多视图场景中, 通常存在一个信息量最大的视图, 其对聚类性能起着至关重要的作用。因此, 我们可以从信息量最大的视图和内容数据中提取共享信息, 了解其与其他视图的相关性, 然后使用这些共享信息重构所有视图, 从而提高校准性能。

为了实现这个目标, 受多视图自编码器的研究工作^[19-20] 的启发, 我们采用了一个多被试者自编码器的模块化方法, 以确定信息量最大的视图 $\mathbf{X}^* \in \{\mathbf{X}^{(1)}, \dots, \mathbf{X}^{(S)}\}$ 以及节点内容信息 \mathbf{A} , 并使用图卷积网络 (Graph Convolutional Network, GCN) 编码器学习信息量最大的视图的节点表示, 再使用多个图解码器重新构建所有视图。

首先, 每个被试者的图邻接矩阵和内容信息被输入 GCN 网络中, 分别学习节点的嵌入表示。对于学习到的节点嵌入表示, 进行 k -means 聚类操作, 从而获得聚类指标。这些聚类指标反映了不同节点嵌入之间的相似性和差异性, 进而可以

确定节点类别归属。

接着,利用聚类指标和邻接矩阵计算每个被试者空间视图的模块化得分,并选择得分最高的视图作为信息量最大的视图。通过这种方式,可以从信息量最大的视图和节点内容信息中提取共享信息,重构所有被试者的神经响应空间特征,提高校准性能。

此外,所提方法还利用聚类信息来选择信息量最大的视图,从而进一步提高方法的可靠性和效果。通过结合模块化方法和聚类信息,我们能够更准确地确定信息量最大的视图,并利用这些视图的共享信息来优化神经响应空间特征的重构过程。这样,我们就可以提高多被试者图解码器的性能,从而将其更好地应用于功能校准任务中。

GCN层被用来作为编码器,将每个节点的邻居节点的特征向量进行聚合,然后使用一个线性变换将聚合后的特征向量映射到一个新的特征空间。这个特征空间可以被认为是一个节点的嵌入向量。GCN的卷积变换通过谱卷积函数 $f(\mathbf{G}^{(k)}, \mathbf{X}^* | \mathbf{R}^{(k)})$ 以如下方式得到:

$$\mathbf{G}^{(k+1)} = f(\mathbf{G}^{(k)}, \mathbf{X}^* | \mathbf{R}^{(k)}) = \phi_k(\tilde{\mathbf{D}}^{-\frac{1}{2}} \tilde{\mathbf{X}} \tilde{\mathbf{D}}^{-\frac{1}{2}} \mathbf{G}^{(k)} \mathbf{R}^{(k)}) \quad (2)$$

其中, $\mathbf{G}^{(k)}$ 是编码器第 k 层学习到的特征表示, $\mathbf{G}^{(0)} = \mathbf{A} \in \mathbb{R}^{N \times D}$, N 表示节点个数, D 为特征数量; ϕ_k 表示GCN第 k 层的激活函数; $\mathbf{R}^{(k)}$ 是第 k 层待学习的参数矩阵; $\tilde{\mathbf{X}} = \mathbf{X}^* + \mathbf{I}$, $\tilde{\mathbf{D}}_i = \sum_j \tilde{\mathbf{X}}_{ij}$ 。

所有被试者共享的信息编码器 $E = (\mathbf{A}, \mathbf{X}^*)$ 为两层的GCN网络。第一层隐藏层主要学习节点的相邻局部信息,通过聚合每个节点的相邻特征来更新节点表示;第二层输出层用于输出所有被试共享的公共空间 G 的共享特征表示:

$$\mathbf{G} = \phi_2(\tilde{\mathbf{D}}^{-\frac{1}{2}} \tilde{\mathbf{X}} \tilde{\mathbf{D}}^{-\frac{1}{2}} \phi_1(\tilde{\mathbf{D}}^{-\frac{1}{2}} \tilde{\mathbf{X}} \tilde{\mathbf{D}}^{-\frac{1}{2}} \mathbf{A} \mathbf{R}^{(0)}) \mathbf{R}^{(1)}) \quad (3)$$

其中, ϕ_1 表示编码器的第一层激活函数,为Relu激活函数; ϕ_2 表示第二层激活函数,为线性激活函数。在GCN中常用于图卷积层的输出,将节点特征进行线性变换后,直接传递给下一层或输出层进行进一步的计算或预测。因此,最大信息图 \mathbf{X}^* 和节点属性 \mathbf{A} 可以在统一学习框架内使用。

3.2.2 多被试者解码器

为了监督编码器提取所有被试者的公共表示,我们使用多被试者解码器来表示公共空间 G 重构不同被试者的神经响应空间 $\hat{\mathbf{X}}^{(1)}, \dots, \hat{\mathbf{X}}^{(S)}$ 。如图1的多被试者解码器部分所示,解码器由 S 个(与数据集中被试者数量 S 相同)被试独立解码器 $p(\hat{\mathbf{X}}^{(\ell)} | \mathbf{G}, \mathbf{R}^{(\ell)})$, $\ell = 1, \dots, S$ 组成,其中, $\mathbf{R}^{(\ell)} \in \mathbb{R}^{V \times V}$ 是第 ℓ 个被试者的映射矩阵。

$$\sum_{\ell=1}^S p(\hat{\mathbf{X}}^{(\ell)} | \mathbf{G}, \mathbf{R}^{(\ell)}) = \sum_{\ell=1}^S \text{sigmoid}(\mathbf{G} \cdot \mathbf{R}^{(\ell)} \cdot \mathbf{G}^T) \quad (4)$$

对于多被试者自编码器,我们通过以下方式最小化所有被试者的校准重构误差的总和:

$$L_{\text{RE}} = \sum_{\ell=1}^S L_{\text{RE}}^{(\ell)} = \sum_{\ell=1}^S \text{loss}(\hat{\mathbf{X}}^{(\ell)}, \mathbf{G}) \quad (5)$$

其中, $L_{\text{RE}}^{(\ell)}$ 是第 ℓ 个被试者的校准重构损失, L_{RE} 是所有被试者整体的校准重构损失。由于解码器的多视图架构,多解码器

的梯度在反向传播过程中将通过信息编码器传播。因此,在处理前向传播时,编码器将提取所有视图的共享表示。

3.3 自训练聚类

通过将不同被试者的数据输入相应的视图中,上述自编码器成功学习到了它们在公共空间 G 中的紧凑表示。然而,由于在学习节点嵌入时保留了嵌入空间中的节点邻近性,这种表示可能并不适用于聚类任务。原因在于,保留原始多视图数据的局部结构可能导致节点在嵌入空间中的距离并不能完全反映它们在原始数据空间中的相似度。

为了解决这一问题,我们同样引入自训练聚类^[19-20],利用高置信度节点作为软标签来指导图聚类过程。自训练聚类的目标是最小化聚类目标分布与软标签分布之间的差异,基于KL散度进行优化,该目标的最小化表达式如下所示:

$$L_{\text{CL}} = \text{KL}(P \| Q) = \sum_i \sum_j p_{ij} \log \frac{p_{ij}}{q_{ij}} \quad (6)$$

其中, Q 是软标签的分布; q_{ij} 采用t分布来测量,以指示节点 i 的嵌入 z_i 和聚类中心 μ_j 的相似性^[19,21]。

$$q_{ij} = \frac{(1 + \|z_i - \mu_j\|^2)^{-1}}{\sum_{j'} (1 + \|z_i - \mu_{j'}\|^2)^{-1}} \quad (7)$$

它可以看作是节点的软聚类分配分布。聚类损失(6)中的 p_{ij} 是目标分布,定义如下:

$$p_{ij} = \frac{q_{ij}^2 / f_j}{\sum_{j'} q_{ij'}^2 / f_{j'}} \quad (8)$$

其中,软聚类频率 f_j 被定义为质心 j 与每个数据点 i 之间的关联度 q_{ij} 的加权和,这个权重可以视为数据点 i 对质心 j 的贡献度。这样,每个质心的损失贡献都得到了归一化,避免了大簇扭曲隐藏的特征空间。为了使软标签分布更加密集,我们通过最小化KL散度来将 Q 的分布向 P 的分布调整。在最小化KL散度的过程中,我们可以观察到高置信度节点对梯度的贡献更大,这是因为它们的分布更接近目标分布。

本文联合优化所提出的基于多视图的自编码器嵌入和聚类学习。联合上述两个优化函数,校准重构损失 L_{RE} 和聚类损失 L_{CL} ,总体目标函数为:

$$L = \alpha L_{\text{RE}} + \beta L_{\text{CL}} \quad (9)$$

其中, α 和 β 是设置的两个超参数,其主要目的是平衡两个损失项,控制它们在模型中的影响。两个超参数在 $\{0.05, 0.1, 0.5, 1, 5, 10\}$ 范围内进行选择。

4 实验分析

4.1 实验数据

为验证本文所提出方法的有效性,我们使用Open Neuro数据平台¹⁾公开的4个数据集。这些数据集的信息如下:

1) DS005^[22]:混合博弈任务(Mixed-gambles Task)数据集,该数据集包括48个被试者,包含了人类大脑中两类风险任务,被选择的概率各占50%。此外,我们在原论文的基础上选择了功能校准的感兴趣区域(Region of Interest, ROI)。

2) DS105^[1,5]:视觉对象识别(Visual Object Recognition)数据集,该数据集包括6个被试者,包含8个类别的视觉刺激,即面部、房屋、猫、瓶子、剪刀、鞋子、椅子和乱序的灰度

¹⁾ <https://openneuro.org/>

图像。该数据集神经活动包含两种类型数据,一种是全脑(Whole Brain, WB)图像数据,另一种是从颞叶皮层收集的基于 ROI 的数据。

3) DS107^[23]:文字和对象处理(Word and Object Processing)数据集,包括 49 个被试者,包含 4 类视觉刺激,即单词、物体、乱序、辅音。与 DS105 类似,我们同样选择了全脑图像和感兴趣区域两种数据形式,ROI 选择和相关技术信息基于原论文^[24]。

4) DS117^[24]:多被试者、多模态人类神经成像(Multi-subject, Multi-modal Human Neuro-imaging)数据集,包括 16 名被试者的 MEG 和 fMRI 图像。这里仅使用该数据集的功能磁共振成像图像。它还包含两类视觉刺激,即人脸和乱序。

4.2 实验设计

本文实验部分所用到的数据集均在参考其原论文的参数设置下通过 easy fMRI 软件¹⁾进行预处理包括切片定时、平滑、归一化和解剖结构配准等。此外,使用留一被试法来将数据集划分为训练集和测试集,以进行交叉验证。实验中,将本文方法与 7 种方法进行对比:1) ν -SVM 算法,作为基线,其中使用的特征是在解剖校准后的,没有进行超校准映射;2) 超校准(Hyperalignment, HA);3) 正则超校准(Regularized Hyper-

alignment, RHA);4) 共享响应模型(Shared Response Model, SRM);5) 卷积自编码器(Convolutional Autoencoder, CAE);6) 深度超校准(Deep Hyperalignment, DHA);7) 监督超校准(Supervised Hyperalignment, SHA)。

4.3 实验结果与分析

表 1 列出了基于视觉刺激类别的分类模型分类准确度(ACC)结果。在这些实验结果中,除了混沌照片之外,数据集 DS105 中的所有视觉刺激都被认为是目标类别。如表 1 所列,由于原始空间中的 fMRI 数据包括噪声和稀疏性,因此 ν -SVM 无法在原始体素上创建可接受的性能。经过校准后的 HA, RHA 和 SRM 方法在精度上取得了一定的提升,但仍然不太理想。两种深度学习方法 CAE 和 DHA 在校准效果上有了很大的提升,得到了更好的结果。另外,SHA 利用监督信息,有效提高了实验结果。最后,本文提出的方法获得了最佳的解码精度,也证明了其有效性。此外,需要注意的是,在数据集 DS105 和 DS107 上我们发现,在选择感兴趣区域后,其相比使用全脑影像数据产生了更佳的实验效果,由此证明了我们的感兴趣区域选择的有效性。为验证所提方法性能提升的显著性,我们还根据实验结果进行了成对 t 检验, p 值如表 1 所列。结果表明,所提出的基于多视图自编码器的功能校准方法实现了显著的性能改善。

表 1 不同功能校准方法的分类精度(平均值 \pm 标准差)

Table 1 Classification accuracy of different functional alignment methods(mean \pm std)

Algorithm	DS005	DS105(WB)	DS105(ROI)	DS107(WB)	DS107(ROI)	DS117
ν -SVM	70.65 \pm 0.97***	16.81 \pm 1.77***	18.21 \pm 2.32***	30.69 \pm 1.04***	27.71 \pm 3.86***	66.79 \pm 0.52***
HA	79.95 \pm 1.24***	38.65 \pm 0.62***	45.90 \pm 0.04***	46.92 \pm 0.94***	49.23 \pm 0.63***	80.21 \pm 0.73***
RHA	82.05 \pm 0.76***	34.65 \pm 0.62***	34.90 \pm 2.04***	48.65 \pm 0.37***	51.51 \pm 1.23***	77.21 \pm 0.85***
SRM	82.32 \pm 0.79***	40.06 \pm 0.19***	45.64 \pm 0.05***	48.52 \pm 1.75***	50.51 \pm 3.32***	76.66 \pm 0.29***
CAE	86.24 \pm 0.65***	45.49 \pm 0.26***	48.06 \pm 0.06***	57.04 \pm 0.47***	65.08 \pm 0.34***	82.37 \pm 0.30***
DHA	88.32 \pm 0.25***	48.77 \pm 0.51***	51.91 \pm 0.19***	67.32 \pm 0.48***	67.87 \pm 0.21***	84.17 \pm 0.36***
SHA	88.19 \pm 0.14***	50.38 \pm 0.25***	53.77 \pm 0.31***	68.28 \pm 0.17***	68.09 \pm 0.42***	84.65 \pm 0.48***
Ours	90.29\pm0.35	51.69\pm2.07	54.86\pm1.23	69.12\pm0.22	70.87\pm1.18	86.75\pm0.26

注:所提方法对比方法改进的显著性 p 值: * 表示 $p < 0.05$, ** 表示 $p < 0.01$, *** 表示 $p < 0.001$ 。

在本文提出的多视图自编码器功能校准方法中,我们优化的目标函数主要由两部分组成:校准重构损失(L_{RE})和聚类损失(L_{CL})。为了平衡这两个损失项并控制它们在模型中的影响,引入了两个超参数 α 和 β 。本文对多个不同的超参数设置{0.05, 0.1, 0.5, 1, 5, 10}在 DS105(WB)数据集上进行实验,结果如图 2 所示。

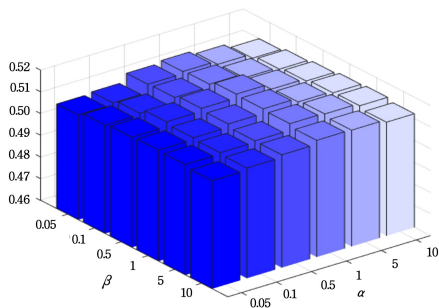


图 2 不同超参数对方法性能的影响

Fig. 2 Influence of different hyperparameters on method performance

可以看出,在不同的超参数设置下,本文方法都能获得

相对稳定的解码性能。特别地,当设置 $\alpha = 1$ 和 $\beta = 0.5$ 或 1 时,本文方法在该数据集上获得了最佳结果。这也说明了本文方法能够在不同的超参数设定下保持稳定的性能,同时也为实际应用提供了更好的选择。

结束语 传统的多被试者 fMRI 功能校准方法通常只关注单个被试者的大脑活动模式是如何进行空间变换校准的,而忽略了其中的共享信息。我们发现共享模式在任务中也是非常重要的,为此,本文提出了一种新的基于多视图自编码器的功能校准方法。具体来说,通过重构不同被试者的响应空间来学习节点嵌入,并创建一个公共的响应空间。这个公共空间包含了不同被试者之间共享的脑活动模式,从而能够更好地捕获这些共享的特征表示。通过这种方法,所提模型可以更好地适应多个被试者之间的差异性,并提高脑影像数据的解码精度。在 4 个不同数据集上进行了实验,结果表明本文提出的功能校准框架优于目前最先进的多被试者脑影像功能校准方法,提高了解码精度,并且能够更好地识别不同被试者之间的共享特征表示,这对于我们进一步理解人类大脑的功能和行为具有重要意义。

¹⁾ <https://easyfmri.learningbymachine.com>

参 考 文 献

- [1] HAXBY V J, CONNOLLY C A, GUNTUPALLI J S. Decoding Neural Representational Spaces Using Multivariate Pattern Analysis [J]. *Annual Review of Neuroscience*, 2014, 37: 435-456.
- [2] ZHANG Y, YU Z, LIU J, et al. Neural Decoding of Visual Information Across Different Neural Recording Modalities and Approaches [J]. *Machine Intelligence Research*, 2022, 19(5): 350-365.
- [3] CAI M, SCHUCK W N, PILLOW W J, et al. A Bayesian Method for Reducing Bias in Neural Representational Similarity Analysis [C]// *Proceedings of the 30th International Conference on Neural Information Processing Systems*, 2016.
- [4] LORBERT A, RAMADGE J P. Kernel Hyperalignment [C]// *Proceedings of the 25th International Conference on Neural Information Processing Systems—Volume 2*. 2012:1790-1798.
- [5] HAXBY V J, GUNTUPALLI J S, CONNOLLY C A, et al. A Common, High-dimensional Model of the Representational Space in Human Ventral Temporal Cortex [J]. *Neuron*, 2011, 72(2): 404-416.
- [6] KRIEGESKORTE N, GOEBEL R, BANDETTINI P. Information-based Functional Brain Mapping [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(10): 3863-3868.
- [7] YOUSEFNEZHAD M, ZHANG D. Multi-Region Neural Representation: A Novel Model for Decoding Visual Stimuli in Human Brains [C]// *Proceedings of the 2017 SIAM International Conference on Data Mining*. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2017: 54-62.
- [8] XU H, LORBERT A, RAMADGE J P, et al. Regularized Hyperalignment of Multi-set fMRI Data [C]// *2012 IEEE Statistical Signal Processing Workshop (SSP)*. IEEE, 2012: 229-232.
- [9] CHEN P H, GUNTUPALLI J S, HAXBY V J, et al. Joint SVD-Hyperalignment for Multi-subject fMRI Data Alignment [C]// *2014 IEEE International Workshop on Machine Learning for Signal Processing (MLSP)*. IEEE, 2014: 1-6.
- [10] GUNTUPALLI J S, HANKE M, HALCHENKO O Y, et al. A Model of Representational Spaces in Human Cortex [J]. *Cerebral Cortex*, 2016, 26(6): 2919-2934.
- [11] TALAIRACH J. *Co-Planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain: 3-Dimensional Proportional System: An Approach to Cerebral Imaging* [M]. G. Thieme, 1988.
- [12] ANDREW G, ARORA R, BILMES J, et al. Deep Canonical Correlation Analysis [C]// *Proceedings of the International Conference on Machine Learning*. New York: ACM Press, 2013.
- [13] BENTON A, KHAYRALLAH H, GUJRAL B, et al. Deep Generalized Canonical Correlation Analysis [C]// *Proceedings of the International Conference on Learning Representations*. ICLR Press, 2017.
- [14] YOUSEFNEZHAD M, ZHANG D. Deep Hyperalignment [C]// *Advances in Neural Information Processing Systems*. MIT Press, 2017: 1603-1611.
- [15] YOUSEFNEZHAD M, ZHANG D. Local Discriminant Hyperalignment for Multi-subject fMRI Data Alignment [C]// *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*. 2017: 59-65.
- [16] YOUSEFNEZHAD M, SELVITELLA A, HAN L X, et al. Supervised Hyperalignment for Multi-subject fMRI Data Alignment [J]. *IEEE Transactions on Cognitive and Developmental Systems*, 2020, 13(3): 475-490.
- [17] CHEN P H, CHEN J, YESHURUN Y, et al. A Reduced Dimension fMRI Shared Response Model [C]// *Proceedings of the Annual Conference on Neural Information Processing Systems*. MIT Press, 2015: 460-468.
- [18] CHEN P H, ZHU X, ZHANG H, et al. A Convolutional Autoencoder for Multi-Subject fMRI Data Aggregation [C]// *29th Workshop of Representation Learning in Artificial and Biological Neural Networks*. 2016.
- [19] FAN S, WANG X, SHI C, et al. One2multi Graph Autoencoder for Multi-view Graph Clustering [C]// *Proceedings of the Web Conference 2020*. 2020: 3070-3076.
- [20] XIE J, GIRSHICK R, FARHADI A. Unsupervised Deep Embedding for Clustering Analysis [C]// *International Conference on Machine Learning*. PMLR, 2016: 478-487.
- [21] LAURENS V D M, HINTON G. Visualizing Data Using t-SNE [J]. *Journal of Machine Learning Research*, 2008, 9(2605): 2579-2605.
- [22] TOM S M, FOX C R, TREPEL C, et al. The neural basis of loss aversion in decision-making under risk [J]. *Science*, 2007, 315(5811): 515-518.
- [23] DUNCAN K J, PATTAMADILOK C, KNIERIM I, et al. Consistency and Variability in Functional Localisers [J]. *NeuroImage*, 2009, 46(4): 1018-1026.
- [24] WAKEMAN D G, HENSON R N. A Multi-subject, Multi-modal Human Neuroimaging Dataset [J]. *Scientific Data*, 2015, 2: 150001.



HUANG Shuo, born in 1992, Ph.D. His main research interests include neural computing and pattern recognition.



ZHANG Daoqiang, born in 1978, Ph.D., professor, Ph.D supervisor, is a senior member of CCF(No. 28051S). His main research interests include machine learning, pattern recognition, data mining, and medical image analysis.