



心理所开发出神经影像数据挖掘的群组独立成分分析方法

文章来源: 心理研究所

发布时间: 2012-07-19

【字号: 小 中 大】

人脑是高度复杂的时空动力系统。基于神经影像数据,独立成分分析(ICA)作为一种数据驱动算法,被广泛应用于探索人脑系统的时空特性。在分析多被试数据时,现有ICA方法通常假设组内所有被试具有完全相同的脑活动成分。但是,当被试的脑活动模式的一致性不确定时,这一假设不尽合理。例如,在探索心理与精神障碍的脑机制时,尽管可以将具有相同临床(症状学)诊断的病人作为一组,但是并不确定他们的大脑功能活动模式是否一致。

中国科学院心理研究所行为科学重点实验室人脑功能连接组及其发展课题组的杨志副研究员基于ICA的数据驱动本质,强调指出:在应用ICA方法分析多被试数据时,应避免这一“被试脑活动同质性”假设[1]。为解决此问题,他与同事基于前期开发的RAICAR[2]方法,发展出在多被试神经影像数据中挖掘被试分组(亚组)的群组ICA方法——gRAICAR[1]。模拟数据显示,gRAICAR可以精确地揭示脑功能网络的个体间差异。进一步地,基于实际静息态功能磁共振成像数据,gRAICAR不仅能够估计每个脑功能网络的被试间的一致性,揭示被试间在脑功能上的相似关系,而且可以据此探测具有较高一致性的亚组。gRAICAR依据一个主要由楔前叶和后扣带皮层构成的脑功能网络,将被试分为两组(如图)。经验证,gRAICAR的分组与被试年龄特征高度一致。这一发现与该课题组最近一项关于功能连接组中心度的研究发现一致[3];有趣的是,gRAICAR同时检测到了一个“默认网络”成分,但是其在被试间表现出了高度的一致性。这些结果在从侧面反映“默认网络”功能复杂性的同时,也突出地显示了gRAICAR方法的巨大优势。目前,这一现象正在被进一步深入研究。

通过摒弃“被试脑活动同质性”假设,gRAICAR成为完全的数据驱动方法,为科研人员基于数据产生进一步的科学假设提供参考,将为深入挖掘多被试神经影像数据,为建立与心理精神相关脑功能疾病的神经影像标志提供有力工具,为“开放式神经科学”提供方法学支撑。

目前,本项研究已经在线发表于神经影像方法学期刊*NeuroImage*;同时,作为“连接组计算系统”(<http://lfc.d.psych.ac.cn/ccs.html>)的功能之一,该方法的软件包可在人脑功能连接组及其发展实验室网站下载。

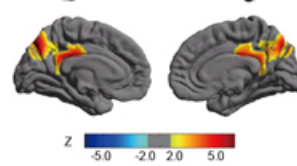
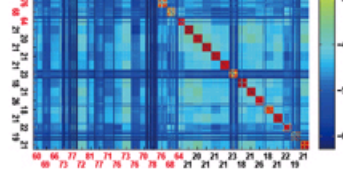
本研究获得国家自然科学基金(30900366,81171409,30973164,30670674)、中科院心理研究所青年科研基金(09CX012001)和特聘研究员启动基金(YOCX492S03)、国家重大基础研究计划(973)项目(2007CB512300)和NIMH(R01B002009)的支持。

参考文献:

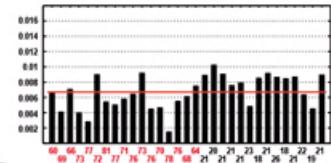
[1] Yang Z*, Zuo XN, Wang P, Li Z, LaConte SM, Bandettini PA, Hu XP (2012). [Generalized RAICAR: Discover homogeneous subject \(sub\)groups by reproducibility of their intrinsic connectivity networks. *NeuroImage*. In Press.](#)

[2] Yang Z, LaConte S, Weng X, Hu XP* (2008). *Ranking and averaging independent component analysis by reproducibility (RAICAR)*. *Human Brain Mapping* 29(6): 711-725.

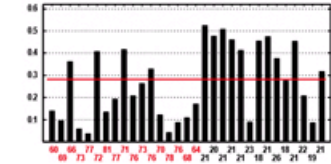
[3]. Zuo XN*, Ehmke R, Maarten M, Imperati D, Castellanos FX, Sporns O, Milham MP (2012). *Network centrality in the human functional connectome*. *Cerebral Cortex* 22(8):1862-1875.



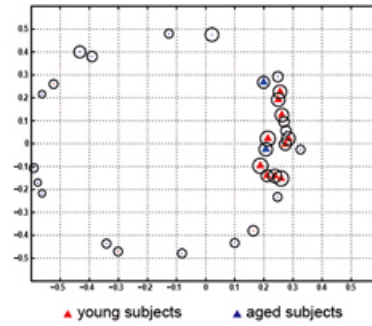
C Subject loads on inter-subject consistency



D Subject loads on intra-subject reliability



E



gRAICAR算法在静息态功能磁共振数据中发现由后扣带回和楔前叶皮层组成的脑功能网络（如B所示）。该功能网络只在部分被试中具有高度一致性（如A所示，可复制性矩阵所示）。gRAICAR基于非参数检验方法据此检测出被试亚组（如C、D所示），并揭示所有被试间的相似关系（如E所示）。经分析后验证，gRAICAR发现的被试分组与被试年龄特征高度一致（见A标明的被试年龄、E标明的被试年龄分组）。

打印本页

关闭本页