(19) 中华人民共和国国家知识产权局



(12) 发明专利申请



(10)申请公布号 CN 104715241 A (43)申请公布日 2015.06.17

- (21)申请号 201510133021.5
- (22)申请日 2015.03.23
- (71) 申请人 南京工业大学 地址 211816 江苏省南京市浦口区浦珠南路 30 号南京工业大学
- (72) 发明人 梅雪 黄嘉爽 李微微 马士林
- (51) Int. CI.

GO6K 9/00(2006.01) *GO6K 9/46*(2006.01)

权利要求书1页 说明书6页 附图2页

(54) 发明名称

一种基于张量分解的 fMRI 特征提取与识别 方法

(57) 摘要

本发明公开了一种基于张量分解的 fMRI 特征提取与识别方法。本发明通过构建 fMRI 动态功能连接矩阵,并利用多重线性主成分分析方法进行张量分解,提取动态功能连接矩阵的特征张量,最后将特征张量向量化后作为支持向量机的输入去识别不同 fMRI 数据,整个图像序列的预处理及构建矩阵等步骤都通过 Matlab 程序实现。本发明不仅可以克服"维数灾难"问题,而且能够挖掘出脑功能连接网络的动态信息。



N 104715241 A

- 1. 一种基于张量分解的 fMRI 特征提取与识别方法,包括如下步骤:
- (1) 对获取到的静息态 fMRI 实验数据进行预处理,消除外界干扰信号并将所有采集到的实验数据标准化到统一的时间和空间域;所述的预处理过程通过 SPM8 软件实现,包括时间层校准,头动校正,空间标准化和空间平滑;
- (2) 从预处理后的 fMRI 数据中提取出相关信息,对照生理学模板,将每个实验者大脑 脑区内的所有体素的时间序列进行平均,获得 90 个脑区的平均体素时间序列。
- (3)利用时间窗思想,将单脑区平均体素时间序列划分为多个时间序列,得到多个窗口平均体素时间序列。
- (4) 计算 90 脑区在同一窗口下的时间序列间的皮尔逊相关系数,在单一窗口下得到一个功能矩阵,由此将所有窗口下得到的功能矩阵组合,得到动态功能连接矩阵。
- (5)随机抽取实验数据中的一半数据作为训练集,并按上述步骤得到动态功能连接矩阵,并将动态功能矩阵作为一个三阶张量,构建张量训练集。
 - (6) 构造训练集的协方差矩阵,设定Q值,确定保留的特征张量维数。
 - (7) 根据特征张量维数,在满足投影的张量总散度最小的情况下,确定最佳投影矩阵。
- (8) 根据最佳投影矩阵,将训练集及测试集原始张量投影,并求取训练集和测试集的特征张量。
 - (9) 将所有特征张量展开为一维向量。
- (10) 将该一维向量作为支持向量机的输入,根据训练集构建识别模型,并用测试集检验该模型。
- 2. 根据权利要求 1 所诉的一种基于张量分解的 fMRI 特征提取与识别方法,其特征在于,所述步骤 (2) 中所使用的生理学模版是指生理解剖学模版 (Anatomical Automatic Labeling, AAL)。步骤 (3) 中利用时间窗思想,是指将原始长度为 N 的时间序列,通过设定窗口长度 W 及相对应的更新步长划分为 Z 个有重叠的窗口时间序列。步骤 (7) 中确定最佳投影矩阵的方法为多重线性主成分分析方法。步骤 (9) 中将特征张量展开为一维向量,指的是将张量按照模 -1 方向展开成向量。

一种基于张量分解的 fMRI 特征提取与识别方法

技术领域

[0001] 本发明涉及一种脑功能核磁共振图像(fMRI)的处理与识别方法,是一种基于张量分解的 fMRI 特征提取与识别方法;具体涉及数字图像处理、动态功能网络构建、张量分解和模式识别等知识领域与处理方法,本方法对 fMRI 处理的结果可用对不同类 fMRI 数据,如成人与儿童数据,醉酒与清醒试验者数据,试验者观看不同情感照片数据等进行分类。属于针对高维图像序列数据的机器学习与模式识别方法。

背景技术

[0002] 功能磁共振图像(fMRI)技术近年来得到研究者的广泛关注。该技术通过探测大脑中的血氧饱和变化来达到无侵入性观察大脑活动变化的目的。其中静息态功能磁共振图像(Resting State fMRI,R-fMRI)反映的是占大脑活动90%能量的自发性活动,这些自发性活动被认为与人类最基础的大脑活动相关,也可以反映儿童与成人随着年龄的变化,大脑认知状态的变化。

[0003] 近年来,在针对 R-fMRI 的研究中,研究者一般关注反映不同脑区间神经生理活动相关的功能连接特性。这些特性能反映不同实验参与者脑功能连接上的区别,然而传统的构建功能网络方法通常使用整个时间序列去构建一个静态的网络。该方法虽然易于检验和解释结果,但却忽略了功能网络状态随时间变化这一特性,而这些随时间变化的网络状态往往是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。本发明利用时间窗构建的动态功能连接特征,不仅能反映功能网络的时间关联特征,而且可以将该这类非稳定特性作为分类不同实验参与者的重要特征。

[0004] 动态脑功能连接矩阵一般都是三维矩阵数据,将机器识别技术运用在对这类复杂矩阵特征的提取和分析一直是一个难点问题。传统的方法必须将其中二维矩阵向量化后,再使用诸如主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA)、独立成分分析 (Independent Component Analysis, ICA) 等一些降维方法进行处理。该类方法在将 90 个脑区的功能连接矩阵向量化后,会得到一个 (90*89)/2 维的向量,然而 fMRI 数据普遍存在被试数目较小,这样不可避免的在识别中会存在"维数灾难"问题,而且 PCA 与 ICA 等算法提取的特征向量也难以描述相邻功能连接矩阵之间的动态信息。

发明内容

[0005] 1. 发明要解决的技术问题

[0006] 针对传统降维方法难以有效提取 fMRI 动态功能连接矩阵特征这一问题,本发明提供了一种基于张量分解的 fMRI 特征提取与识别方法,目的在于克服 fMRI 数据处理中的"维数灾难"问题,并且挖掘脑功能连接网络的动态信息。

[0007] 2. 技术方案

[0008] 本发明解决问题所采用技术方案的原理是:利用时间窗提取的脑区时间序列获得多组窗时间序列,并构建动态功能连接矩阵。对该矩阵序列运用张量分解的方法降维,提取

特征张量,将特征张量向量化后使用支持向量机分类。

[0009] 本发明技术方案的具体内容,实现步骤如下:

[0010] (1) 通过 SPM8 软件处理 fMRI 原始数据,首先去除前几个非稳定时间点,随后做时间层校正、头动校正、平滑,并在去除低频漂移影响后对图像做 $00.1 \sim 0.1$ Hz 的滤波;最后通过静息态功能磁共振数据处理助手 (DPARSF) 软件消除全脑信号、脑脊液信号、头动等协变量参数影响;上述操作均在 Windows 操作系统下完成,实验硬件如下:Intel Xeon E5-26434C 3.3010MB 1600CPU-1、Intel Xeon E5-26434C 3.3010MB 1600CPU-2、32GB DDR3-1866 (8x4GB) 2CPU RAM、2*1TB 7200RPM SATA 1st HDD、AMD FirePro W70004GB 1st GFX、16X SuperMulti DVDRW SATA 1st ODD、HP 3-3-3Warranty;

[0011] (2)预处理后的 fMRI 数据,对照生理学模板(本发明选择 Anatomical Automatic Labeling 模版)将除去小脑部分的区域划分成 90 个功能脑区,并求取单个脑区的平均体素时间序列 $h_a = \{h_{a,1}, h_{a,2}, \dots h_{a,N}\}$ $1 \le a \le 90$,其中 N 为时间长度, $h_{a,N}$ 为第 a 个体素在时间 N 时的灰度值,于是有全脑 90 个时间序列 $H = \{h_1, h_2, \dots h_{90}\}$;

[0012] (3) 利用时间窗思想,将原始长度为N的时间序列,通过设定窗口长度W及相对应的更新步长划分为Z个有重叠的窗口时间序列 $\{\hat{H}_1,\hat{H}_2,....\hat{H}_Z\}_{,}$ 其中 $\hat{H}_k = \{\hat{h}_1^k,\hat{h}_2^k,....\hat{h}_{00}^k\}$ $1 \le k \le Z$ 为原全脑时间序列的第 k 个片段, $\hat{h}_i^k = \{\hat{h}_{i,1}^k,\hat{h}_{i,2}^k,....\hat{h}_{i,W}^k\}$ 为第 k 个片段的单脑区的平均体素时间序列。

[0013] (4) 通过公式 $\rho^{k}_{i,j} = \frac{\operatorname{cov}(\hat{h}^{k}_{i}, \hat{h}^{k}_{j})}{\sigma_{\hat{h}^{k}_{i}}\sigma_{\hat{h}^{k}_{i}}}$,计算脑区窗口时间序列间的皮尔逊相关系数,其

中 \hat{h}_i , \hat{h}_j 为同一实验参与者在第 k 个片段窗口下的第 i 脑区和第 j 脑区的时间序列。其中皮尔逊系数常用来表示两个连续变量的线性相关性; $\rho^k_{i,j}$ 反映了第 i 脑区和第 j 脑区的功能连接情况,即对应脑区活动的相似程度;共有 90 个脑区,因此单个窗口的功能连接矩阵为

[0014]
$$A_{k} = \begin{pmatrix} \rho^{k}_{1,1}, \rho^{k}_{1,2}, \dots \rho^{k}_{1,90} \\ \rho^{k}_{2,1}, \rho^{k}_{2,2}, \dots \rho^{k}_{2,90} \\ \vdots \\ \rho^{k}_{90,1}, \rho^{k}_{90,2}, \dots \rho^{k}_{90,90} \end{pmatrix}$$

[0015] 因为共有 Z 个有重叠的窗口时间序列,由此得到 Z 个 90*90 的功能连接矩阵构成 动态功能矩阵。将该矩阵记为一个三阶张量 $\chi_b = \mathbb{R}^{90\times 90\times Z}$,其中模 1,2 为单个 90*90 的功能连接矩阵,模 3 为窗口滑动的时间序列,b 指第 b 个被试;

[0016] (5) 随机抽取实验数据中的一半数据作为训练集,并将训练集中数据张量记作 $x = (x_1, x_2, ..., x_M)$,其中 M 为训练样本个数。对其计算训练数据张量的均值 $\bar{\chi} = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^{M} \chi_m$,计算每个样本的张量与平均张量的差值 $\tilde{\chi}_m = \chi_m - \bar{\chi}$,得到中心化的训练样本张量集 $\{\tilde{\chi}_m = \chi_m - \bar{\chi}, m = 1, ...M\}$.

[0017] (6) 构造训练集的协方差矩阵 $\Phi^{(n)^*} = \sum_{m=1}^{M} \tilde{X}_{m(n)} \tilde{X}_{m(n)}^T$,其中 $\tilde{X}_{m(n)}$ 是张量 $\tilde{\chi}_m$ 在 n (n = 1,2,3) 模方向展开的矩阵;对该协方差矩阵进行特征分解,将特征值按大到小进行排序

为 $\lambda_1, \lambda_2,, \lambda_{l_n}$,其所对应的特征向量为 $u_1, u_2,, u_{l_n}$;使用前 P_n 个向量初始化特征向量 U_n ,即 $U_n = \{u_1, u_2,, u_{p_n}\}$,由于目标的保留维数 $\{P_n, n=1,2,3\}$ 是未知的;在本发明中,使用一种

定义保留比率的方法确定保留维数:该方法首先定义比率 $Q^{(n)} = \frac{\sum_{i_n=1}^{P_n} \lambda_{i_n}^{(n)^*}}{\sum_{i_n=1}^{I_n} \lambda_{i_n}^{(n)^*}}$,其中 $\lambda_{i_n}^{(n)^*}$ 表示为

第 i_n 个投影到模 n 方向的特征值,其中 I_n 为张量 n- 模的维数。比率 $Q^{(n)}$ 的意义为模 n 方向保留 P_n 个特征向量后的保留部分占总张量离散度的比例。在针对本发明数据使用时,在三个模方向上设定 $Q^{(1)}=Q^{(2)}=Q^{(3)}=Q$,即可在每个模方向上均保留前 P_n 个特征向量。

[0018] (7)确 定 P_n 的 值 之 后,在 训 练 集 上 使 用 多 重 线 性 主 成 分 分 析 方 法 (Multilinear Principal Component Analysis, MPCA) 去 寻 找 投 影 矩 阵,该 算 法 即 满 足 $\gamma_m = \tilde{\chi}_m \times U_1^T \times U_2^T \times U_3^T$,其 目 标 函 数 为 $\{\tilde{U}^{(n)}, P_n, n=1,2,3\} = \arg\max_{\tilde{U}^{(1)}, \tilde{U}^{(2)}, \tilde{U}^{(3)}, P_1, P_2, P_3} \Psi_r$,其 中

 $\psi_{\gamma} = \sum_{m=1}^{M} \|\gamma_{m}\|_{F}^{2}$ 为张量的总散度,而目标函数的物理意义在于让训练集在张量子空间的距离最远。

[0019] (8) 根据目标函数,确定最佳的三个投影矩阵 U_1 , U_2 , U_3 ;将训练集数据和测试集数据通过三个投影矩阵投影到张量子空间,得到训练样本的特征张量记为 $\gamma^{\text{tranin}} = \{ \gamma_1^t, \gamma_2^t, \dots, \gamma_m^t \}$,测试集样本张量为 $\gamma^{\text{prediction}} = \{ \gamma_1^p, \gamma_2^p, \dots, \gamma_m^p \}$,其中测试集数据也经过去均值处理;

[0020] (9) 将全部特征张量按照模 1 方向展开,向量化后的训练样本特征集记为 $Z^{\text{train}} = \{z_1^t, z_2^t, \dots, z_M^t\}$,测试样本特征集为 $Z^{\text{prediction}} = \{z_1^p, z_2^p, \dots, z_M^p\}$,其中 z_i 为第 i 个实验数据向量化后的一维向量;将这个特征向量作为支持向量机(SVM)的特征输入,构建识别模型。

[0021] 3. 有益效果

[0022] 本发明通过时间窗函数将初始的时间序列划分为若干个时间窗序列,这些时间窗序列能够较好的反映大脑的非平稳特性,克服在传统方法下,使用整个时间序列无法反映全部非平稳特征的缺点。

[0023] 本发明选择用张量表示动态功能连接矩阵,并使用张量分解的方法去提取特征张量。该方法不仅能较为全面的反映动态功能连接矩阵的特性,而且更为重要的是提取的特征具有一定的可解释性。此外从机器学习算法角度出发,使用张量分解不仅解决了"维数灾难"问题,而且提高了识别模型的鲁棒性。

附图说明:

[0024] 图 1 为本发明的流程图:

[0025] 图 2 为窗口化时间序列的示意图。(图 2 中 N 为时间序列长度,W 为窗口长度, A_z 为单个窗口功能连接矩阵)

[0026] 图 3 为模 -1 方向展开示意图

具体实施例

[0027] 假设目前有健康成年人 30 人,10 岁以下健康儿童 30 人,所有被试均是右利手,且通过同一台仪器扫描脑功能图像数据,扫描序列数为 224。为测试算法有效性,将成人与儿童被试数据分别取出一半作为训练集数据,余下一半作为测试集。具体算法如下,流程如图 1 所示。

[0028] 第一步,对所有数据进行预处理,去除前十个非稳定状态扫描序列,通过 SPM8 软件对 fMRI 原始数据做时间层校正、头动校正、平滑,并在去除低频漂移影响后对图像做 $00.1\sim0.1$ Hz 的滤波;最后通过 DPARSF 软件消除全脑信号、脑脊液信号、头动协变量参数影响;

[0029] 第二步,使用生理学模版(本发明选择 Anatomical Automatic Labeling 模版)将大脑划分为 90 个独立的脑区,并对属于同一时间点的各个脑区体素值求取其平均,由此得到单个脑区 i 的平均体素时间序列 $h_i = \{h_{i,1}, h_{i,2}, \dots, h_{i,214}\}$,于是有全脑 90 脑区的平均体素时间序列集 $H = \{h_1, h_2, \dots, h_{90}\}$ 。该步骤目的在于借鉴同一脑区体素具有很强的一致性的先验知识,大大减少特征数据。

[0030] 第三步,将获取的全脑时间序列窗口化(如图所示),划分为若干个窗口时间序列。每个窗口长度固定为 30 个扫描序列,每次滑动步长更新 2 个扫描序列,最终得到 92 个互有重叠的窗口时间序列 $\{\hat{H}_1,\hat{H}_2,....\hat{H}_{92}\}$,其中 $\hat{H}_k = \{\hat{h}_1^k,\hat{h}_2^k,....\hat{h}_{90}^k\}$ $1 \leq k \leq 92$ 为原全脑时间序列的一个片段,如图 2 所示。

[0031] 第四步,利用皮尔逊相关公式 $\rho^k_{i,j} = \frac{\text{cov}(\hat{h}_i^k, \hat{h}_j^k)}{\sigma_{\hat{h}^k}\sigma_{\hat{h}^k}}$,构建功能连接矩阵。皮尔逊相关系

数体现了在同一窗时间下两脑区活动的一致性,一致性越高,相关系数越高。 $\rho^k_{i,j}$ 反映了在第 k 窗口下,第 i 脑区和第 j 脑区的功能连接情况,即对应脑区活动的相似程度;共有 90 个脑区,因此单个窗口的对角连接矩阵为

[0032]
$$A_{k} = \begin{bmatrix} \rho^{k}_{1,1}, \rho^{k}_{1,2}, \dots \rho^{k}_{1,90} \\ \rho^{k}_{2,1}, \rho^{k}_{2,2}, \dots \rho^{k}_{2,90} \\ \vdots \\ \rho^{k}_{90,1}, \rho^{k}_{90,2}, \dots \rho^{k}_{90,90} \end{bmatrix}$$

[0033] 因为共有 92 个有重叠的窗口时间序列,由此得到 92 个 90*90 的功能连接矩阵构成动态功能矩阵,将求得的被试的动态功能矩阵记一个三阶张量为 $\chi_i = \mathbb{R}^{90 \times 90 \times 92}$ 。

[0034] 第五步,随机抽取实验数据中的一半数据作为训练集,于是有训练集数据 $\mathbf{x}^{\text{train}} = (\mathbf{x}^{\text{t}}_{1}, \mathbf{x}^{\text{t}}_{2}, \dots, \mathbf{x}^{\text{t}}_{30})$,测试集数据 $\mathbf{x}^{\text{prediction}} = (\mathbf{x}^{\text{p}}_{1}, \mathbf{x}^{\text{p}}_{2}, \dots, \mathbf{x}^{\text{p}}_{30})$,上述数据集中前 15个均为儿童数据,余下为成人数据。对其计算训练数据张量的均值 $\bar{\chi} = \frac{1}{30} \sum_{m=1}^{30} \chi_{m}$,计算每个样本的张量与平均张量的差值 $\tilde{\chi}_{m} = \chi_{m} - \bar{\chi}$,得到实验训练集数据 $\tilde{\chi}^{\text{train}} = (\tilde{\chi}'_{1}, \tilde{\chi}'_{2}, \dots, \tilde{\chi}'_{30})$ 和测试集 $\tilde{\chi}^{\text{prediction}} = (\tilde{\chi}'_{1}, \tilde{\chi}'_{2}, \dots, \tilde{\chi}'_{30})$ 。

[0035] 第六步,在训练集上通过构造训练集的协方差矩阵 $\Phi^{(n)^*} = \sum_{m=1}^{M} \tilde{X}_{m(n)} \tilde{X}_{m(n)}^T$,其中

 $\tilde{X}_{m(n)}$ 是张量 $\tilde{\chi}_m$ 在 n (n = 1,2,3) 模方向展开的矩阵;对该协方差矩阵进行特征分解,将特征值按大到小进行排序为 $\lambda_1,\lambda_2,....,\lambda_{l_n}$,其所对应的特征向量为 $u_1,u_2,....,u_{l_n}$,因为需要使用前 P_n 个向量初始化特征向量 U_n ,即 $U_n = \{u_1,u_2,...,u_{Pn}\}$,由于目标的保留维数 $\{P_n,n=1,2,3\}$ 是未知的;在本发明中,使用一种定义保留比率的方法确定保留维数:该方法首先定义

比率 $Q^{(n)} = \frac{\sum_{i_n=1}^{P_n} \lambda_{i_n}^{(n)^*}}{\sum_{i_n=1}^{I_n} \lambda_{i_n}^{(n)^*}}$,其中 $\lambda_{i_n}^{(n)^*}$ 表示为第 i_n 个投影到模n方向的特征值,其中 I_n 为张量n-模

的维数。比率 $Q^{(n)}$ 的意义为模 n 方向保留 P_n 个特征向量后的保留部分占总张量离散度的比例。在针对本发明数据使用时,在三个模方向上设定 $Q^{(1)} = Q^{(2)} = Q^{(3)} = Q$,即可在每个模方向上均保留前 P_n 个特征向量。本发明设定比率为 90%,由此在三个模方向上均保留 5 个特征。

[0036] 第七步,确定 P_n 的值为 5 后,在训练集上使用多重线性主成分分析方法 (Multilinear Principal Component Analysis, MPCA) 去 寻 找 投 影 矩 阵,即 满 足 $\gamma_m = \tilde{\chi}_m \times U_1^T \times U_2^T \times U_3^T$,其 目 标 函 数 为 $\{\tilde{U}^{(n)}, P_n, n=1, 2, 3\} = \arg\max_{\tilde{U}^{(1)}, \tilde{U}^{(2)}, \tilde{U}^{(3)}, P_n, P_2, P_3} \psi_r$,其 中 $\psi_r = \sum_{m=1}^M \|\gamma_m\|_F^2$ 为张量的总散度,而目标函数的物理意义在于让训练集在张量子空间的距离最远,其中 MPCA 的算法流程如下:

[0037]

输入:有M个中心化的张量训练集 $\{\tilde{\chi}_m = \chi_m - \bar{\chi}, m = 1, ...M\}$;子空间大小 P_1, P_2, P_3

输出:三个投影矩阵 U_1,U_2,U_3

算法: (MPCA)

步骤 1:对 $\Phi^{(n)*} = \sum_{m=1}^{M} \tilde{X}_{m(n)} \tilde{X}_{m(n)}^{T}$ 进行特征分解

步骤 2: 计算 $\{\gamma_m = \tilde{\chi}_m \times U_1^T \times U_2^T \times U_3^T, m = 1,..., M\}$

步骤 3: 计算 $\psi_0 = \sum_{m=1}^M ||\gamma_m||_F^2$

步骤 4: for k=1:k

-For n=1:3

[0038]

特征分解 $\Phi^{(n)} = \sum_{m=1}^{M} (X_{m(n)} - \bar{X}_{(n)}) \cdot \tilde{U}_{n} \cdot \tilde{U}_{n}^{T} \cdot (X_{m(n)} - \bar{X}_{(n)})^{T}$,并用前 P_{n} 个最大特征值对应向量组成 U_{n} 。

-计算 $\{\gamma_m, m=1,...,M\}$ 以及散度 ψ_k

—if $\psi_k - \psi_{k-1} < \eta$, 跳出并进行步骤 5

步骤 5: 得到张量投影后的特征 $\{\gamma_m = \tilde{\chi}_m \times U_1^T \times U_2^T \times U_3^T, m = 1, ..., M\}$

[0039] 第八步,求得最佳的三个投影矩阵 U1,U2,U3;将训练集数据和测试集数据通过三个

投影矩阵投影到张量子空间,在经由公式 $\gamma_m = \tilde{\chi}_m \times U_1^T \times U_2^T \times U_3^T$ 计算 γ_m ,因为 P_n 的值为 5,所以 γ_m 为一个 5*5*5 的张量,由此得到训练样本的特征张量记为 γ_m train = { γ_1^t , γ_2^t ,..., γ_{30}^t },测试集样本张量为 γ_m prediction = { γ_1^p , γ_2^p ,..., γ_{30}^p } ;训练集及测试集中均为前 15个数据为成人,余下 15 个为儿童。

[0040] 第九步,将 γ ^{test}按照模 1 方向展开成向量(如图 3 所示),由此每个数据转换为一个 1*125 的特征向量,记为 $\mathbf{z}_i = \mathbb{R}^{1 \times 125}$,将训练集特征向量记为 $\mathbf{Z}^{\text{train}} = \{\mathbf{z}^{\mathsf{t}}_1, \mathbf{z}^{\mathsf{t}}_2, \dots, \mathbf{z}^{\mathsf{t}}_{30}\}$,该训练集中前 15 个数据为成人,余下 15 个为儿童。最后将训练集特征向量及对应的特征标签作为支持向量机的输入,训练识别模型。

[0041] 第十步,根据训练好的模型,使用测试集数据得到根据模型的预测识别标签,根据真实标签分析识别准确率、特异性等性能指标,并分析特征重要度。

[0042] 本发明首先通过时间窗构建动态功能连接矩阵,该方法克服了传统方法只能获取静态功能连接的缺陷,能够更加全面的反映 fMRI 数据特点。在将动态功能连接矩阵记为三阶张量后,利用张量分解的方法提取特征张量,完成对动态功能连接矩阵数据的降维。该降维方法相较传统的降维方法,可以很好的保留动态功能连接矩阵前后时间窗间的相关特征,并提供更好的数据分类特征。

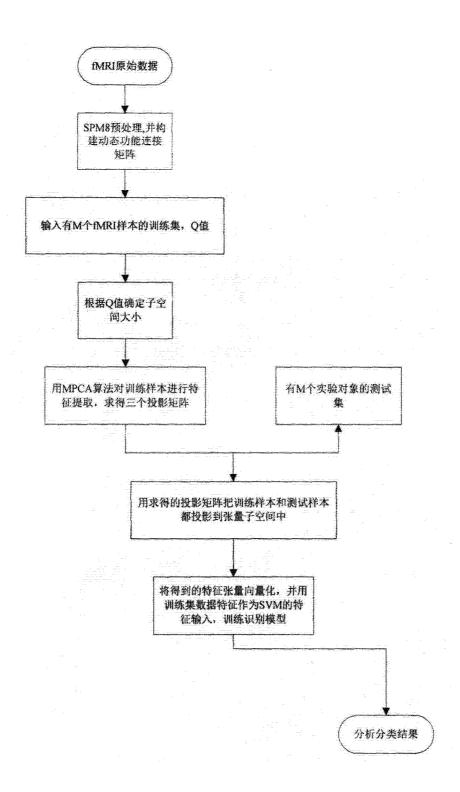


图 1

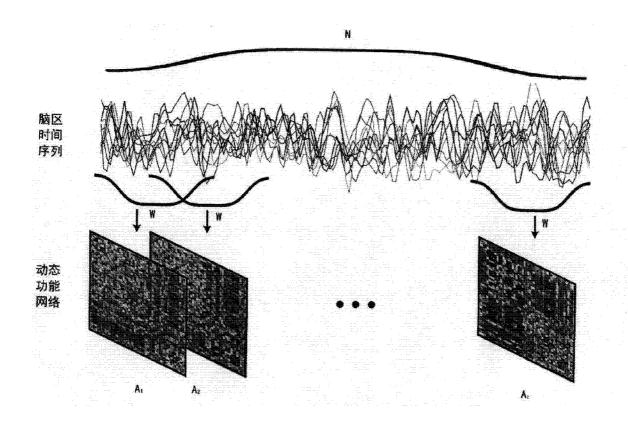


图 2

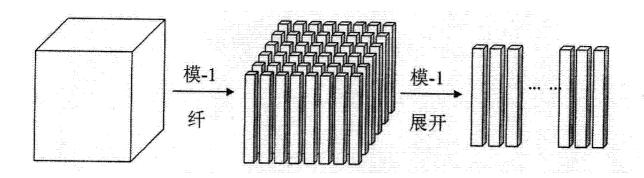


图 3 模 -1 方向展开示意图