**Đồ án 3**

**Biểu diễn hợp nhất của phép chụp cắt lớp và dữ liệu MRI có khuynh hướng khuếch tán sử dụng mảng đa chiều thưa**

**Đặc tả**

Gần đây, các công thức tuyến tính và phương pháp tối ưu hóa lồi đã được đề xuất để dự đoán hình ảnh cộng hưởng từ có trọng số khuếch tán (dMRI) dữ liệu đưa ra ước tính kết nối não được tạo ra bằng cách sử dụng các thuật toán phép chụp cắt lớp. Kích thước của các mô hình tuyến tính bao gồm các phương thức như vậy với cả dữ liệu dMRI và độ phân giải kết nối, và có thể trở nên rất lớn khi áp dụng cho dữ liệu hiện đại. Trong bài báo này, chúng tôi giới thiệu một phương pháp để mã hóa các tín hiệu dMRI và các kết nối lớn, tức là các kết nối từ hàng trăm ngàn đến hàng triệu fascicles (bó sợi thần kinh), bởi sử dụng phân tách tensor thưa. Chúng tôi chỉ ra rằng phân tích tensor này chính xác xấp xỉ mô hình Đánh Giá Fascicle Tuyến Tính (LiFE), một trong các mô hình tuyến tính được phát triển gần đây. Chúng tôi cung cấp một phân tích lý thuyết về độ chính xác của mô hình phân tích thưa, LiFESD và chứng minh rằng nó có thể làm giảm kích thước của mô hình một cách đáng kể. Ngoài ra, chúng tôi phát triển các thuật toán để triển khai bộ giải tối ưu hóa bằng cách sử dụng biểu diễn tensor một cách hiệu quả.

1. **Giới thiệu**

Mảng đa chiều, sau đây được gọi là tensors, là các đối tượng toán học hữu ích mô hình hóa nhiều vấn đề trong học máy [2, 47] và khoa học thần kinh [27, 8, 50, 48, 3, 26,13]. Thuật toán phân tách tensor có lịch sử lâu dài của các ứng dụng trong xử lý tín hiệu, tuy nhiên, gần đây mối quan hệ của họ với các đại diện thưa thớt đã bắt đầu được khám phá [35, 11]. Trong công việc này, chúng tôi trình bày một mô hình phân tách tensor thưa và thuật toán được áp dụng cho hình ảnh cộng hưởng từ có trọng số khuếch tán (dMRI).

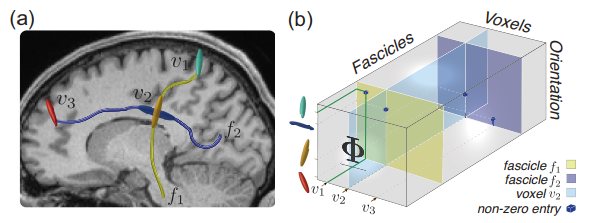
MRI khuếch tán có trọng số cho phép chúng tôi ước tính kết nối não bộ trong cơ thể bằng cách đo sự khuếch tán của các phân tử nước ở các hướng không gian khác nhau. Kết nối não bao gồm một tập hợp các fascicles mô tả vị trí giả định và định hướng của sợi trục thần kinh gói bọc bởi vỏ myelin đi trong não người sống động [25]. Quá trình mà fascicles (kết nối) được xác định từ các phép đo dMRI được gọi là phép chụp cắt lớp. Phép chụp cắt lớp và dMRI là các phương thức chính để ánh xạ cấu trúc mạng lưới não và các đặc tính mô vật chất trắng trong não người sống [6, 46, 34]. Mặc dù giới hạn hiện tại và những lời chỉ trích, thông qua những phương pháp này chúng tôi đã học được rất nhiều về các tổ chức vĩ mô của bộ não con người, như vậy mà khoa học thần kinh mạng đã trở thành một trong những lĩnh vực khoa học phát triển nhanh nhất [38, 43, 44].

Trong những năm gần đây, một loạt các thuật toán chụp cắt lớp đã được đề xuất và thử nghiệm trên các bộ dữ liệu hiện đại như Dự án Kết nối Con người (HCP) [45]. Tuy nhiên, nó đã được thiết lập rằng các tính chất giải phẫu ước tính của các fascicles phụ thuộc vào kiểu dữ liệu, thuật toán địa lý và thông số cài đặt [32, 39, 7]. Sự biến đổi như vậy trong ước tính khiến cho việc tin tưởng một thuật toán đơn cho tất cả các ứng dụng và các cuộc gọi trở nên khó khăn phương pháp đánh giá thống kê thường quy của các kết nối não [32]. Vì lý do này, phương pháp tuyến tính dựa trên tối ưu hóa lồi đã được đề xuất để đánh giá kết nối [32, 39] và ước tính kết nối vi mô vật chất trắng và kết nối đồng thời [15]. Tuy nhiên, các phương pháp này có thể yêu cầu tài nguyên tính toán đáng kể (bộ nhớ và tính toán tải) làm cho nó cấm để áp dụng chúng vào bộ dữ liệu có độ phân giải cao nhất.

Trong bài viết này, chúng tôi đề xuất một phương pháp để mã hóa các kết nối não trong các mảng đa chiều và thực hiện đánh giá thống kê hiệu quả trên các tập dữ liệu có độ phân giải cao. Bài viết là được tổ chức như sau: trong phần 2, phương pháp mã hóa kết nối được giới thiệu; trong phần 2.1, một công thức tuyến tính của vấn đề đánh giá kết nối được mô tả; trong phần 3, mô hình phân tích tensor xấp xỉ được giới thiệu; trong phần 3.3, chúng tôi lấy được một lý thuyết bị ràng buộc của lỗi xấp xỉ và tính toán hệ số nén lý thuyết thu được với sự phân tích tensor; trong phần 4 chúng tôi phát triển các thuật toán để thực hiện các hoạt động cần thiết để giải quyết vấn đề tối ưu hóa kết nối đánh giá; trong phần 5 chúng tôi trình bày kết quả thử nghiệm sử dụng bộ dữ liệu độ phân giải cao trong cơ thể; Cuối cùng, trong phần 6, chính kết luận về công việc này của chúng tôi được nêu ra.

1. **Mã hóa kết nối bộ não vào cấu trúc mảng đa chiều .**

Chúng tôi đề xuất một khuôn khổ để mã hóa dữ liệu kết nối não (cả dMRI và chất trắng fascicles) vào tensors [12, 11, 23] để cho phép hoạt động toán học nhanh và hiệu quả trên cấu trúc của connectome. Ở đây, chúng tôi giới thiệu khung mã hóa tensor và hiển thị làm thế nào nó có thể được sử dụng để thực hiện các phương pháp gần đây để đánh giá thống kê về phép chụp cắt lớp [32]. Cụ thể hơn, chúng tôi chứng minh rằng khung có thể được sử dụng để ước tính Mô hình Đánh Giá Fascicle Tuyến Tính [32] với độ chính xác cao trong khi giảm kích thước của mô hình đáng kể (với các yếu tố nén được đo lên đến 40x). Sau đây, chúng tôi đề cập đến phương pháp mã hóa tensor mới như ENCODE [10]. ENCODE lập bản đồ các fascicles từ không gian não tự nhiên của chúng (Hình 1 (a)) thành một không gian ba chiều thưa tensor **Φ** (Hình 1 (b)). Chiều đầu tiên của **Φ** (phương thức thứ nhất) mã hóa từng hướng của vật chất màu trắng riêng lẻ tại mỗi vị trí dọc theo con đường của chúng thông qua não. Các phân đoạn riêng lẻ (các nút) trong một fascicle được mã hóa là các mục khác 0 trong mảng thưa thớt (hình khối màu xanh đậm trong hình 1 (b)). Chiều thứ hai của **Φ** (phương thức thứ 2) mã hóa vị trí không gian của mỗi fascicle trong khối lượng dữ liệu dMRI (voxels). Các lát trong chiều thứ hai này biểu thị các voxels đơn (lát cắt xyan bên trong hình 1 (b)). Chiều thứ ba (phương thức thứ 3) mã hóa các chỉ số của mỗi fascicle trong connectome. Các fascicles đầy đủ được mã hóa dưới dạng **Φ** frontal slice (c.f., màu vàng và màu xanh trong hình 1 (b)).



Hình 1: Phương pháp ENCODE: ánh xạ các kết nối cấu trúc từ không gian não tự nhiên đến không gian tensor. (a) Hai fascicles vật chất trắng ví dụ (f1 và f2) đi qua ba voxels (v1, v2 và v3). (b) Mã hóa hai fascicles trong một tensor ba chiều. Các mục không khác trong **Φ** biểu thị hướng của fascicle (phương thức thứ nhất), vị trí (voxel, phương thức thứ 2) và nhận dạng (phương thức thứ 3).

Dưới đây chúng tôi trình bày cách sử dụng ENCODE để tích hợp kết nối từng cấu trúc của fascicle và đo tín hiệu dMRI thành một mô hình phân tích tensor đơn. Sau đó chúng tôi trình bày cách sử dụng mô hình phân tích này để thực hiện mô hình gần đây một cách hiệu quả để đánh giá phép chụp cắt lớp, phương pháp đánh giá fascicle tuyến tính, còn được gọi là LiFE [32]. Trước khi giới thiệu phương pháp phân tích tensor, chúng tôi mô tả ngắn gọn mô hình LiFE, vì điều này là cần thiết để giải thích sự phân tích mô hình bằng phương pháp ENCODE. Sau đó chúng tôi tính các giới hạn lý thuyết về độ chính xác và hệ số nén có thể đạt được bằng cách sử dụng ENCODE và phân tích tensor. Cuối cùng, chúng tôi báo cáo kết quả thử nghiệm trên dữ liệu thực tế và xác thực tính toán lý thuyết.

1. **Đánh giá thống kê cho kết nối não bằng cách tối ưu lồi**

Phương pháp Đánh Giá Fascicle Tuyến Tính (LiFE) đã được giới thiệu để tính toán thống kê lỗi của fascicles bao gồm một kết nối não cấu trúc trong dự đoán đo tín hiệu khuếch tán [32]. Ý tưởng cơ bản đằng sau LiFE là kết nối nên chứa fascicles có quỹ đạo đại diện cho tín hiệu khuếch tán đo được tốt. Thực thi LiFE một phương pháp để đánh giá kết nối có thể được sử dụng, trong số những thứ khác, để loại bỏ fascicles theo dõi mà không dự đoán tốt các tín hiệu khuếch tán. LiFE lấy làm đầu vào tập hợp fascicles được tạo ra bằng cách sử dụng phương pháp chụp cắt lớp (ứng viên kết nối) và trả về là đầu ra tập con của các fascicles dự đoán tốt nhất tín hiệu dMRI được đo lường (tối ưu hóa kết nối). Các hạt hấp dẫn được tính theo mức độ quỹ đạo của chúng đại diện cho tín hiệu khuếch tán đo được trong voxels dọc theo đường đi của chúng. Để làm như vậy, trọng số được gán để mỗi fascicle sử dụng tối ưu hóa lồi. Fascicles được gán một trọng số bằng 0 được loại bỏ từ kết nối, vì sự đóng góp của chúng để dự đoán tín hiệu khuếch tán là vô giá trị. Các hệ thống tuyến tính sau mô tả phương trình của LiFE :

C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\21.PNG (2.1)

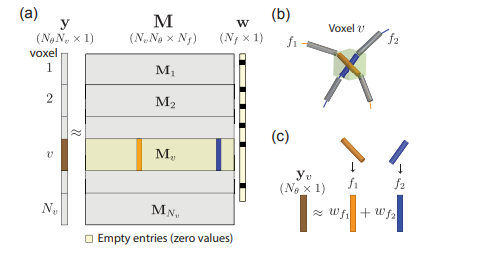
trong đó y ∈ RNθNv là một vectơ chứa tín hiệu được khử nhiễu yi = S¯(θni, vi)) đo ở tất cả các voxels màu trắng vi ∈ V = {1, 2, . . . , Nv} và trên tất cả các hướng phát tán θn ∈Θ = {θ1, θ2, . . . , θNθ} ⊂ R3, và w ∈ RNf chứa trọng số cho mỗi fascicle trong kết nối.

Ma trận M ∈ RNθNv×Nf chứa, tại cột f, tín hiệu được dự đoán sẽ đóng góp bởi fascicle f ở tất cả voxels V và trên tất cả các hướng Θ:

C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\212.PNG (2.2)

được định nghĩa là tín hiệu không khuếch tán trọng số và Of (θ, vf) là phân phối định hướng hàm [32] của fascicle f tại hướng khuếch tán θ, tức là

C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\213.PNG (2.3)



Hình 2: Mô hình Đánh giá Fascicle tuyến tính (LiFE). (a) Tín hiệu dự đoán **y** *∈* R*N****θ****Nv* trong tất cả các voxels và gradient hướng thu được bằng cách nhân ma trận C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\217.PNG bởi vectơ trọng số w ∈ R Nf (2.1). (b) Một voxel chứa hai fascicles, f1 và f2. (c) Tín hiệu khuếch tán dự đoán yv ∈ R Nθ tại voxel v được ước tính bởi một tuyến tính trọng số không âm sự kết hợp của các tín hiệu dự đoán cho các fascicles trong voxel.

Nơi mà mô hình tensor khuếch tán “dính” đơn giản [31] đã được sử dụng và vf-R3 vf được định nghĩa như định hướng không gian của fascicle trong voxel đó.

Trong khi vector **y** và ma trận **M** trong phương trình (2.1) được xác định đầy đủ bởi dMRI các phép đo và đầu ra của thuật toán chụp lát cắt, tương ứng, vectơ trọng số **w** cần được ước tính bằng cách giải quyết một tối ưu hóa không tối ưu (NNLS) vấn đề, được định nghĩa như sau:

C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\215.PNG (2.4)

Kết quả là, một vectơ không âm của trọng số **w** thu được. Trong khi trọng số khác 0 tương ứng với fascicles góp phần dự đoán tín hiệu dMRI đo, fascicles với trọng lượng 0 làm cho không có sự đóng góp để dự đoán các phép đo và có thể được loại bỏ. Bằng cách này, LiFE xác định các fascicles được hỗ trợ bởi dữ liệu trong một kết nối ứng cử viên cung cấp phương pháp tiếp cận chính để đánh giá kết nối cũng như lỗi dự đoán như số lượng các fascicles trọng số khác.

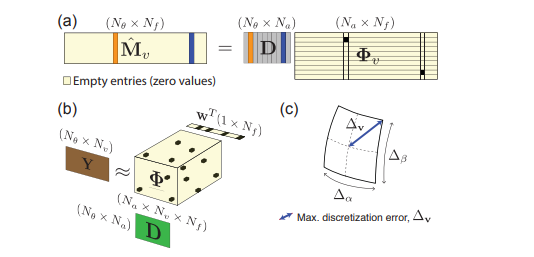
Một đặc tính đáng chú ý của phương pháp LiFE là kích thước của ma trận **M** trong phương trình (2.1) có thể yêu cầu hàng chục gigabyte cho kết nối toàn bộ não, ngay cả khi sử dụng định dạng ma trận tối ưu thưa [19]. Dưới đây chúng tôi cho thấy cách sử dụng ENCODE để thực hiện một phân tích tensor thưa [9, 11] của ma trận **M**. Phân tích này cho phép xấp xỉ chính xác mô hình LiFE ban đầu với các yêu cầu bộ nhớ giảm đáng kể.

1. **Kết quả lý thuyết: Phân tích Tensor và xấp xỉ của mô hình tuyến tính để đánh giá phép chụp cắt lớp.**

Chúng tôi mô tả cách tiếp cận lý thuyết để mô hình hóa mô hình LiFE, eq. (2.1). Chúng tôi lưu ý ma trận  (Hình 2 (a)) có thể được viết lại như một tensor (mảng 3D) M ∈ bằng cách tách các chỉ số gradient và chỉ số voxel thành các chỉ mục riêng biệt, tức là trong đó  và . Do đó, phương trình (2.1) có thể được viết lại dưới dạng tensor như sau:

 (3.1)

trong đó thu được bằng cách chuyển đổi vectơ  thành ma trận (ma trận hóa) và  là sản phẩm tensor-by-matrix ở phương thức-n [23], cụ thể hơn, phương thức-3 sản phẩm trong phương trình trên được xác định như sau: . Phía dưới, chúng tôi cho thấy làm thế nào để gần đúng mô hình tensor trong phương trình (3.1) bằng cách sử dụng một phân tích Tucker thưa [9] bằng cách tập trung đầu tiên vào tín hiệu dMRI trong các voxels riêng lẻ và sau đó là voxels.



Hình 3: Mô hình LiFESD: (a) Mỗi khối Mv của ma trận **M** (một lát bên trong tensor **M**) là được xác định bằng cách sử dụng từ điển dự đoán tín hiệu khuếch tán **D** và ma trận thưa các hệ số . (b) Mô hình LiFESD được viết như là một mô hình phân tích Tucker với một lõi chịu lực thưa **Φ** và các yếu tố **D** (phương thức-1) và (phương thức - 3). (c). Khoảng cách tối đa giữa định hướng fascicle vectơ **v** và va chạm xấp xỉ của nó  được xác định bằng cách giải phóng góc phương vị  và độ cao  tọa độ hình cầu. Cụ thể hơn, đối với , sự giải phóng tối đa lỗi là 

1. **Xấp xỉ của mô hình tuyến tính trong các voxels não cá nhân.**

Chúng tôi tập trung vào việc viết công thức tuyến tính của mô hình dự đoán khuếch tán ( Hình 2(b)-(c)) bằng cách hạn chế phương trình (3.1) đối với voxels riêng lẻ, v:

 (3.2)

trong đó vector yv = Y (:, v) ∈ RNθ và ma trận Mv = M (:, v, :) ∈ RNθ × Nf , tương ứng với cột trong Y và một lát bên trong tensor M, tương ứng. Chúng tôi đề xuất nhân tố hóa ma trận Mv như sau

 (3.3)

nơi ma trận  là từ điển của các dự đoán khuếch tán có các cột (nguyên tử) tương ứng với định hướng fascicle precomputed, và  là ma trận thưa có các mục khác 0,  , cho biết hướng của fascicle *f* trong voxel *v*, được xấp xỉ bởi nguyên tử *a* (ở hình 3(a) cho ví dụ voxel *v* như trong hình 2(b)-(c)) .Để tính toán các dự đoán khuếch tán, chúng tôi sử dụng một lưới rời rạc trong hình cầu bằng cách lấy mẫu thống nhất các tọa độ hình cầu bằng cách sử dụng các điểm *L* trong phương vị và độ cao tọa độ (Hình 2(c)).

1. **Xấp xỉ của mô hình tuyến tính trên nhiều voxels não.**

Bằng cách áp dụng xấp xỉ được giới thiệu trong phương trình (3.3) cho mỗi lát trong tensor **M** trong phương trình (3.1), chúng tôi thu được mô hình LiFE phân tích thưa sau đây, được gọi là LiFESD (Hình 3 (b)):

 (3.4)

trong đó **D** là một yếu tố chung trong phương thức -1, tức là, nó nhân tất cả các lát bên. Cần lưu ý rằng, công thức trong phương trình (3.4), là một trường hợp đặc biệt của sự phân tích Tucker [42, 16] trong đó lõi chịu lực **Φ** là thưa [9, 11] và chỉ các yếu tố ở phương thức-1 (**D**) và mode-3  có mặt. Bằng cách so sánh các phương trình (3.4) và (3.1) chúng tôi định nghĩa xấp xỉ LiFESD mô hình tensor như

 (3.5)

1. **Lý thuyết ràng buộc cho độ chính xác và dữ liệu phân tích mô hình nén.**

Trong phần này, chúng tôi lấy được một giới hạn lý thuyết về độ chính xác của LiFESD so với mô hình LiFE gốc (Mệnh đề 3.1) và chúng tôi phân tích lý thuyết yếu tố nén liên quan đến xấp xỉ tensor đã được nhân hóa (Mệnh đề 3.2). Sau đây, chúng tôi giả định rằng, trong một kết nối nhất định có  fascicles, mỗi fascicle có một số cố định của các nút , và các phép đo trọng số khuếch tán được thực hiện trên các hướng dốc  với cường độ gradient *b*. Có thể tìm thấy bằng chứng về các mệnh đề trong Phụ lục vật chất.

**Mệnh đề 3.1** (độ chính xác). Đối với một kết nối đã cho và từ điển **D** thu được bằng lấy mẫu thống nhất khoảng không góc phương vị (α, β) bằng cách sử dụng ∆α = ∆β = π / L (Hình 3(c)), giới hạn trên sau đây trên lỗi mô hình dựa trên chuẩn Frobenius được xác minh:

 (3.6)

Tầm quan trọng của kết quả lý thuyết này là sai số tỷ lệ nghịch với thông số discretization *L*, cho phép một thiết kế mô hình phân hủy sao cho chính xác quy định được đáp ứng.

**Mệnh đề 3.2** (giảm kích thước). Đối với một kết nối đã cho và từ điển  chứa các nguyên tử  (các cột của ma trận **D**), hệ số nén đạt được là

 (3.7)

trong đó , với C (**M**) và  là chi phí lưu trữ của LiFE và Các mô hình LiFESD, tương ứng.

Cần lưu ý rằng, thường là , ngụ ý rằng hệ số nén có thể là xấp xỉ bằng  tức là, tỷ lệ thuận với số lượng hướng dốc 

1. **Tối ưu hóa mô hình bằng cách sử dụng mã hóa tensor**

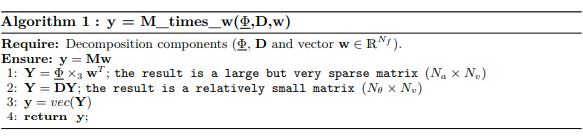
Một khi mô hình LiFESD đã được xây dựng, bước cuối cùng để xác nhận một kết nối đòi hỏi tìm các trọng số không âm mà các ô vuông nhỏ nhất phù hợp với dữ liệu khuếch tán được đo. Đây là một vấn đề tối ưu hóa lồi có thể được giải quyết bằng cách sử dụng nhiều tối ưu hóa NNLS thuật toán. Chúng tôi đã sử dụng thuật toán NNLS dựa trên các phương pháp đặt hàng đầu tiên được thiết kế đặc biệt cho vấn đề quy mô lớn [22]. Tiếp theo, chúng tôi cho thấy cách khai thác mô hình LiFESD bị phân hủy trong tối ưu hóa. Độ dốc của hàm mục tiêu ban đầu cho mô hình LiFE có thể được viết như sau:



trong đó C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\441.PNG là mô hình LiFE ban đầu, C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\442.PNG trọng lượng của fascicle và C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\443.PNG tín hiệu nhiễu khuếch tán. Bởi vì phiên bản bị phân hủy không lưu trữ rõ ràng **M**, bên dưới chúng tôi mô tả cách thực hiện hai phép toán cơ bản (y = Mw và  sử dụng phân tách thưa thớt.

1. **Tính y = Mw**

Sử dụng phương trình (3.1) chúng ta có thể thấy rằng **Mw** có thể được tính toán bằng cách sử dụng phương trình và vector hóa kết quả, tức là **y** = *vec (***Y***),* trong đó *vec ()* là viết tắt của hoạt động véc tơ hóa, tức là, để chuyển đổi ma trận thành véc-tơ bằng cách xếp chồng các cột của nó trong một vectơ dài. Trong Thuật toán 1, chúng tôi trình bày các bước để tính toán **y = Mw** một cách hiệu quả.



1. **Tính** 

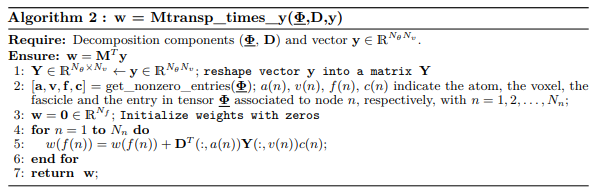
 có thể được tính bằng cách sử dụng LiFESD theo cách sau:

C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\421.PNG (4.2)

trong đó C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\422.PNG và C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\423.PNG là ma trận mở ra [23] của tensors C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\424.PNG và C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\425.PNG, tương ứng; ⊗ là sản phẩm Kronecker và **I** là ma trận nhận dạng . Phương trình (4.2) có thể được viết như sau [9]:

C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\426.PNG (4.3)

Bởi vì ma trận  rất thưa, chúng ta tránh tính toán ma trận lớn và dày đặc  và chỉ tính toán các khối của nó đang được nhân với các mục khác 0 . Điều này cho phép duy trì sử dụng bộ nhớ hiệu quả và hạn chế số chu kỳ CPU cần thiết. Trong Thuật toán 2, chúng tôi trình bày các bước để tính toán  một cách hiệu quả.



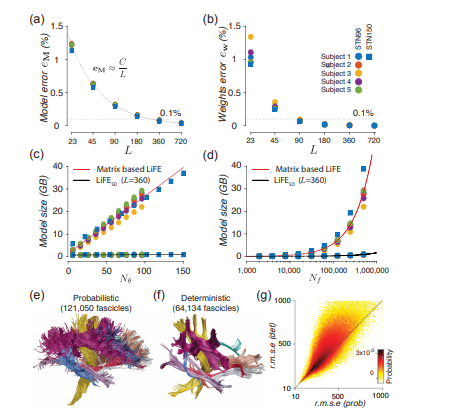
1. **Kết quả thử nghiệm: Xác nhận các giới hạn lý thuyết cho độ phân giải mô hình chính xác và nén dữ liệu**

Ở đây, chúng tôi xác nhận các phát hiện lý thuyết của chúng tôi bằng cách sử dụng dữ liệu dMRI từ các đối tượng ở nơi công cộng nguồn (tập dữ liệu Stanford [32]). Dữ liệu được thu thập bằng Nθ = 96 (STN96, năm đối tượng) và hướng Nθ = 150 (STN150, một chủ đề) với giá trị b = 2, 000s / mm2. Chúng tôi thực hiện phép chụp bằng cách sử dụng những dữ liệu này và cả hai phương pháp xác suất và xác định, kết hợp với Deconvolution (CSD) bị ràng buộc và bộ khuếch tán khuếch tán mô hình (DTI) [41, 17, 5]. Chúng tôi tạo ra các kết nối ứng cử viên với Nf = 500, 000 fascicles trên não bộ. Xem [10, 32, 39] để biết thêm chi tiết về xử lý trước dữ liệu.

Đầu tiên chúng tôi đã phân tích tính chính xác của mô hình xấp xỉ (LiFESD) như một hàm của tham số, L, mô tả số định hướng fascicles được mã hóa trong từ điển D. Về lý thuyết, số lượng nguyên tử trong D càng lớn thì độ chính xác càng cao. Chúng tôi cho thấy rằng lỗi mô hình C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\51.PNG giảm theo chức năng của tham số L cho tất cả các đối tượng trong tập dữ liệu Hình 4 (a). Kết quả này xác nhận lý thuyết giới hạn trên trong Đề xuất 3.1. Chúng tôi cũng đã giải bài toán tối ưu hóa lồi của phương trình.

(2.4) cho cả hai, LiFE và LiFESD, và ước tính lỗi trong trọng số được gán cho mỗi

fascicle của hai mô hình (chúng tôi tính toán lỗi trong trọng số như C:\Users\pc\Desktop\hinhhocmay\52.PNG Sung. 4 (b) cho thấy lỗi ew là hàm của tham số L. Lưu ý rằng đối với L> 180, lỗi thấp hơn 0,1% trong tất cả các môn học



Hình 4: Kết quả thực nghiệm: (a) Sai số mô hình eM trong xấp xỉ ma trận M với

LiFESD tỷ lệ nghịch với tham số L như được dự đoán bởi Dự luật 3.1 của chúng ta (eM ≈ C / L) được trang bị cho các dữ liệu với C = 27,78 và một lỗi phù hợp bằng 2,94%). (b) Lỗi trong trọng số thu được bởi LiFESD so với trọng lượng của LiFE ban đầu, ew, như một hàm của tham số L. (c) - (d) Kích thước của mô hình (GB) quy mô tuyến tính với số hướng Nθ và số lượng các hạt Nf, tuy nhiên nó tăng nhanh hơn nhiều trong mô hình LiFE so với mô hình LiFESD. LiFESD được tính bằng L = 360. (e) - (f) Các kết nối xác suất và xác định được xác nhận với LiFESD cho một chủ đề HCP. (g) So sánh sai số bình phương gốc (r.m.s, như được định nghĩa trong [32]) thu được trong tất cả các voxels cho các kết nối xác suất và xác định. Giá trị trung bình r.m.s.e lần lượt là 361,12 và 423.06 đối với các trường hợp xác suất và xác định.

Đã chứng minh bằng thực nghiệm rằng lỗi xấp xỉ mô hình giảm theo chức năng

của L, chúng tôi chuyển sang thể hiện mức độ nén mô hình đạt được bởi phương pháp phân hủy tensor. Để làm như vậy, chúng tôi đã sửa L = 360 và tính toán kích thước mô hình cho cả hai, LiFE và LiFESD, như một hàm số của các hướng gradient Nθ (Hình 4 (c)) và fascicles Nf (Hình 4 (d)). Kết quả cho thấy, như dự đoán bởi kết quả lý thuyết của chúng tôi trong

Đề xuất 3.2, mô hình quy mô cân tuyến tính với số hướng cho cả hai, LiFE và LiFESD, nhưng sự khác biệt về độ dốc là sâu sắc. Nén được đo thực nghiệm tỷ lệ tăng lên đến khoảng 40 vì nó là trường hợp cho các đối tượng trong bộ dữ liệ STN150 (Nf = 500, 000 và Nθ = 150). Cuối cùng, chúng tôi hiển thị một ví dụ so sánh giữa hai kết nối thu được bằng cách áp dụng xác suất [17] và các thuật toán theo dõi xác định [4] cho một tập dữ liệu não (một đơn chủ đề) từ bộ dữ liệu dự án Human Connectome [45], với Nθ = 90, Nv = 267, 306 và Nf = 500, 000. Quả sung. 4e-f cho thấy 20 vùng chính được phát hiện trong não người sử dụng chỉ các fascicles với weigths nonzero. Trong trường hợp này, kết nối xác suất có nhiều hơn fascicles (121, 050) so với xác định (64, 134). Hơn nữa, chúng tôi nhân rộng trước đó kết quả chứng minh rằng các kết nối xác suất có sai số thấp hơn xác định một phần lớn trong các voxel (xem hình 4 (g))

1. **Kết luận**

Chúng tôi đã giới thiệu một phương pháp để mã hóa các kết nối não trong các mảng đa chiều và phương pháp phân tách có thể gần đúng chính xác mô hình tuyến tính cho kết nối đánh giá được sử dụng trong phương pháp LiFE [32]. Chúng tôi chứng minh rằng cách tiếp cận phân hủy làm giảm đáng kể các yêu cầu bộ nhớ của mô hình LiFE, khoảng từ 40GB đến 1 GB, với lỗi xấp xỉ nhỏ của mô hình nhỏ hơn 1%. Sự nhỏ gọn của mô hình CUỘC SỐNG bị phân hủy có ý nghĩa quan trọng đối với các vấn đề tính toán khác. Dành cho ví dụ, tối ưu hóa mô hình có thể được thực hiện bằng cách sử dụng các hoạt động liên quan đến hoạt động tránh sử dụng các ma trận lớn như **M** và sử dụng thay thế cho các tensor thưa và từ điển dự đoán (**Φ** và **D** tương ứng).

Phương pháp kéo và đa chiều đa chiều đã được sử dụng để giúp các nhà điều tra hiểu các tập dữ liệu đa phương thức lớn [27, 11]. Tuy nhiên, cho đến nay các phương pháp này đã được tìm thấy chỉ một vài ứng dụng trong khoa học thần kinh, chẳng hạn như thực hiện đa chủ đề, phân cụm và phân tích điện não đồ [49, 48, 3, 28, 26, 13, 8]. Nói chung, phương pháp phân hủy đã được sử dụng để tìm đại diện nhỏ gọn của dữ liệu phức tạp bằng cách ước tính kết hợp số lượng giới hạn các yếu tố có ý nghĩa phổ biến phù hợp nhất với dữ liệu [24, 27, 23]. Chúng tôi đề xuất một ứng dụng mới, thay vì sử dụng phân tích để ước tính các yếu tố tiềm ẩn, nó mã hóa cấ trúc của vấn đề một cách rõ ràng.

Ứng dụng mới của phân tích tensor được đề xuất ở đây có tiềm năng cải thiện các thế hệ tương lai của mô hình kết nối, đánh giá địa lý và vi cấu trúc [32, 15, 36, 39]. Cải thiện các mô hình này sẽ cho phép vượt quá giới hạn hiện tại của các phương pháp hiện đại [14]. Cuối cùng, biểu diễn cho dữ liệu hình ảnh não có tiềm năng góp phần thúc đẩy ứng dụng thuật toán học máy vào lập bản đồ kết nối con người [18, 37, 21, 20, 30, 1, 51, 29, 40, 33].