

MCI 的 rs-fMRI 功能性连接的特征选择与压缩

晏洁¹,吴海锋^{1,2},保涵²

(1. 云南民族大学 电气信息工程学院,云南 昆明 650500;

2. 云南民族大学 云南省高校智能传感网络及信息系统科技创新团队,云南 昆明 650500)

摘要:轻度认知障碍(mild cognitive impairment, MCI)的诊断和及时治疗对阿兹海默症(alzheimer's disease, AD)患者提供早期预警信号具有临床意义. 通过神经影像学技术和机器学习(machine learning, ML)对 MCI 进行辅助诊断的方法性能主要依赖于筛选可表达组间显著性差异的特征,而目前常用皮尔逊相关法表示脑区连通性并将其直接作为分类器的输入特征,通常这些特征包含冗余信息且易造成维度诅咒的问题. 针对该问题,提出特征选择和特征压缩相结合的方法筛选重要特征,首先对 rs-fMRI 计算动态功能连接(dynamic functional connectivity, DFC),其次利用最小类内距离准则筛选重要的特征,然后对筛选后的特征进行最小二乘(least square, LS)线性拟合压缩数据,最后将得到的拟合系数作为分类器输入特征. 实验结果表明,特征压缩与特征选择结合的算法获得的分类精度可达 76%,比未经特征处理的分类准确率提高了大约 8%,表明该方法能有效提高 MCI 分类准确率,具有一定的生物学意义.

关键词:机器学习;静息态功能核磁共振成像;动态功能连接;特征选择;特征压缩

中图分类号:TP181;R74;O1 **文献标志码:**A **文章编号:**1672-8513(2024)01-0087-08

近年来,静息态核磁共振成像(rest-state functional magnetic resonance imaging, rs-fMRI)因其无创性、高分辨率且具有较好的安全性的特点,已普遍应用于脑部疾病的诊断^[1-3]. 已有研究表明,轻度认知障碍(mild cognitive impairment, MCI)一种功能性连接(functional connectivity, FC)丧失症,表现为患者某些大脑区域的网络连通性显著下降. 通过 rs-fMRI 可以很方便地构建脑区网络,从而评判患者脑区网络的连通性^[4-6]. 采用 rs-fMRI 构建脑区网络的方法主要有相关法^[7-9]、图论^[10]以及格兰杰因果分析(GCA)^[11]等,其中皮尔逊相关是一种常用方法. 研究大脑的动态变化时^[12],可计算其加窗皮尔逊相关^[13]建立动态功能网络连接(dynamic functional connectivity, DFC). 然而,无论皮尔逊相关还是加窗皮尔逊相关,若大脑感兴趣区(region of interest, ROI)数目较多,计算的相关系数数量将非常庞大,如何从这些庞大的相关系数中提取有效的特征来评判脑区间的连通性是一件较困难的工作. 由于

个体的差异,每个被试的脑区连通性不尽相同,同时,所计算的相关系数的数量庞大也会产生一些冗余信息,这些因素都增加了评判脑区连通性的难度.

随着计算机技术的快速发展,机器学习(machine learning, ML)已逐渐地成为了一种辅助的医学诊断方式^[14-15],其本质是利用分类器对两类或两类以上的对象进行分类. 在 ML 中,分类器性能依赖于所提取的特征,可表达组间显著性差异的特征将会得到较高的分类准确率. 虽然将脑区连通性作为分类器的特征输入^[16]是近年来常用的一种分类方法,但如前所述,如何从庞大的特征提取有效特征仍是一项挑战. 另外,即使提取出有效特征,特征的数目仍然巨大,如何进行降维,避免维度诅咒^[17]也是采用 ML 实现分类需要解决的一个问题.

针对以上问题,本文做了如下工作:第一,对由 rs-fMRI 所计算的加窗皮尔逊相关系数进行特征选择,通过计算最小类内距离,筛选出更有效的特征. 第二,对选择后的特征通过最小二乘(least square,

收稿日期:2022-11-14.

基金项目:国家自然科学基金(62161052).

作者简介:晏洁(1998-),女,硕士研究生. 主要从事生物信号处理研究.

通信作者:吴海锋(1977-),博士,教授. 主要从事深度学习,生物信号处理研究.

LS)拟合的方式进行数据压缩,减小了特征维度.实验采用一组公开的 MCI 和正常对照(normal control, NC)组来进行分类,将经过特征选择和特征压缩的数据作为分类器的输入.实验结果表明,经处理后特征的分类准确率比未经处理特征的分类准确率高 8%.

1 相关工作

对于 rs-fMRI 信号,最常用的分析技术是基于种子的分析(SBA)^[18-19],其定义的种子点可将大脑划分为 116 个 ROI 的自动解剖标记(anatomical automatic labeling, AAL)^[20].通过 AAL 提取的数据维度本身较大,若再计算 DFC,产生的数据不仅包含 FC 信息,还包含时间信息,数据量会更大,会增加计算复杂度,导致信息冗余,故可采取特征选择的方法.通常,特征选择方法可分为 3 类:过滤法^[21]、包装法^[22]和嵌入法^[23].过滤法通过统计单变量的特征的基本属性,设定阈值选择特征.包装法直接利用最终分类器的性能来评估特征选择和分类的总体效果,需要多次交叉验证来训练分类器,花费时间较多,但有比过滤法更准确的分类结果^[24].然而,由于使用的交叉验证,包装法可能在不同的分类数据上选择不同的特征^[25].嵌入法与过滤法类似,但是它的特征选择过程与分类器训练有关^[26],又因为该方法没有对特征子集进行迭代评估,所以比包装法的计算速度更快,但占用的计算资源较大.

较多的特征数不仅包含冗余信息,还易造成维度灾难问题^[27],因此降维对分类具有重要意义.主成分分析(principal component analysis, PCA)是一种

用于降低特征维数的技术,其不仅被成功地用于描述疾病相关空间模式的生物学过程^[28-29],还可提取神经影像分类中的有效特征^[30-31].然而,使用 PCA 降维的特征与原始特征的物理性质没有直接联系,这使得分类的可解释性变得复杂.线性判别分析(LDA)^[32]试图通过寻找在高斯分布假设下最大化类可分性的线性投影来消除 PCA 的这一缺点.然而,无论是 PCA 还是 LDA 都不可避免的丢失了数据信息,是一种有损的数据降维方式.多元分类和回归分析也可实现降维,在多元分类和回归分析中,最常使用线性模型分析特定区域与认知功能之间的相关性^[33-35],其新特征集是原始特征的线性组合,因此降维后的数据可无损地恢复成原始数据.遗憾的是,这方面研究分析通常依靠先验选,或者需要分析 MCI 和 NC 受试者的结构连接模式差异,这给实际应用带来了一定困难.

2 方法

2.1 总体框架

首先对符合标准的 rs-fMRI 数据进行预处理,再通过 AAL 模板提取 ROI 的血氧水平依赖(blood oxygen level dependent, BOLD)信号,计算 BOLD 信号间的加窗皮尔逊相关系数得到 DFC(由于 DFC 相关矩阵为对称阵,故只需取其上三角部分即可),其次利用训练样本中的最小类内距离准则选取合适的特征数目,然后对筛选后的数据进行 LS 线性拟合,最后将得到的拟合系数作为支持向量机(support vector machine, SVM)分类器的特征输入,其总体框架如图 1 所示.下面,将对上述步骤做更详细介绍.

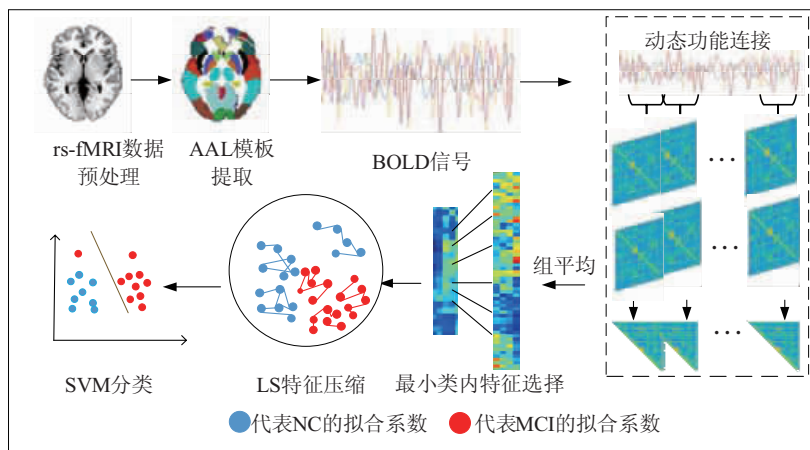


图1 系统框图

2.2 加窗皮尔逊相关

根据 k 折交叉验证,将所有被试者组成的集合 N 划分为两个子集 X^S 和 X^T ,使其满足

$$X^S \cup X^T = N \& X^S \cap X^T = \emptyset \& X^S / X^T = 1 - 1/k. \quad (1)$$

若将 $x_{n_j} \in R^{T \times K}$ 表示为将第 j 类的第 n 个被试的 ROI 时间序列矩阵,其中 T 表示时间点数, K 表示 ROI 数目,则对该矩阵计算第 w 个时间窗口的皮尔逊相关系数后将得到矩阵

$$R_{n_j}^{(w)} \in R^{K \times K}. \quad (2)$$

其中 $w = 1, 2, \dots, W, j = 1, 2, \dots, J$.

2.3 特征选择

(a) 最小类内距离

最小类内距离指两个类中距离最小的作为两类距离,反之,最大类间表示两个类中距离最大的作为两类距离.先计算训练集的总体类内距离,得到

$$\delta = \sum_{j=1}^J d_j. \quad (3)$$

其中, d_j 为第 j 类训练集 $X_j^S \subset X^S$ 的类内距离,表示为

$$d_j = \frac{1}{W} \sum_{w=1}^W \left[\frac{1}{|X_j^S|} \sum_{n_j \in X_j^S} \sqrt{(r_{n_j}^{(w)} - \bar{r}_j)^2} \right]. \quad (4)$$

其中, $r_{n_j}^{(w)}$ 为矩阵 $R_{n_j}^{(w)}$ 上三角中的元素, \bar{r}_j 为 $r_{n_j}^{(w)}$ 的组平均.设 $R_{n_j}^{(w)}$ 的上三角有 I 个元素,可得 I 个 δ ,令其为 $\delta(i), i = 1, \dots, I, I = K \times (K - 1) / 2$.因此,由最小类内距离准则所选择的 M 个特征的位置可计算为

$$\langle p_1, p_2, \dots, p_M \rangle = \arg \min_M \delta(i). \quad (5)$$

与 $\delta(i)$ 一样,将 $r_{n_j}^{(w)}$ 变为 $r(i)$,表示矩阵 $R_{n_j}^{(w)}$ 上三角的第 i 个元素,同时略去 n_j 和 w ,则 $r(i)$ 表示为任意被试在任意窗口下上三角相关矩阵的第 i 个元素,那么由(5)得到的最终的特征选择矢量为

$$Y = [r(p_1), r(p_2), \dots, r(p_M)]. \quad (6)$$

同理,将 $\bar{r}_j(i)$ 表示第 j 类训练集 X_j^S 中组平均矩阵的第 i 个元素,则该组平均的特征选择矢量为

$$A_j = [\bar{r}_j(p_1), \bar{r}_j(p_2), \dots, \bar{r}_j(p_M)]. \quad (7)$$

J 类训练集的组平均特征所构成的矩阵就为

$$\Delta = [A_1, A_2, \dots, A_J]. \quad (8)$$

(b) 最大类间距离

计算类间距离,得到

$$\delta' = \frac{1}{C_j^2} \sum_{j \neq k} d'_{jk}. \quad (9)$$

其中 d'_{jk} 表示第 j 类与第 k 类训练集的类间距离,

$$d'_{jk} = \sqrt{(\bar{r}_j - \bar{r}_k)^2}. \quad (10)$$

与(5)同理,在组平均上也可得 I 个 δ' ,令其为 $\delta'(i)$,由最大类间距离准则所选择的 M 个特征的位置

可计算为

$$\langle p_1, p_2, \dots, p_M \rangle = \arg \max_M \delta'(i) \quad (11)$$

剩余步骤与最小类内距离准则一样.

2.4 特征压缩

即使经过特征选择后,特征数目依旧庞大,为了避免维度诅咒问题,我们采用 LS 特征压缩,即将每一被试经特征选择后的 DFC 矢量表达为聚类中心的线性组合(聚类中心由 J 类训练集的组平均特征所构成),通过 LS 拟合求解该线性组合.将一被试者的特征选择矢量表达为

$$Y = \Delta \theta + \varepsilon. \quad (12)$$

其中, ε 表示误差矢量.根据 LS 估计求解,可得最后的压缩系数

$$\hat{\theta} = \Delta^\dagger Y. \quad (13)$$

其中, $(\cdot)^\dagger$ 表示伪逆. $\hat{\theta}$ 中各元素表示与各类组平均特征的相似性,其值或者权重越大,则与相应组平均特征相似性越大.例如, Y 与第 j 组特征较接近,则 $\hat{\theta} \approx [0, \dots, 0, 1, 0, \dots, 0]^T$,其中元素 1 所在位置应在 j 处.

最后,将 θ_n 表示为第 n 个被试的特征压缩矢量,将其与标签 l_n 构成一个元胞

$$Z_n = \langle \theta_n, l_n \rangle. \quad (14)$$

根据 n 所属的集合,组成最终的训练集 S 和测试集 T .上述计算步骤如下所示.

step 1: 输入为相关矩阵 $R_{n_j}^{(w)}$;

step 2: 划分集合,对 DPABI 预处理后的图像划分为训练集 X^S 和测试集 X^T ;

step 3: 在集合 X^S 中,根据(3)-(9)分别获得最小类内距离和最大类间距离 δ ;

step 4: 通过(5)-(11)筛选 M 个最小类内距离和最大类间对应的位置,并分别将其位置带入(7)得到 A_j ;

step 5: 将 J 类训练集的组平均特征作为聚类中心,得到 Δ ;

step 6: 将每一被试经特征选择后的 DFC 矢量表达为聚类中心的线性组合,由(13)拟合得到被试的拟合系数 $\hat{\theta}$,将其作为新的特征矢量.

3 实验

3.1 实验设置

本实验所用 rs-fMRI 数据采用自阿尔茨海默病神经影像学数据库(alzheimer's disease neuroimaging initiative, ADNI),参数设置如表 1.

表1 rs-fMRI数据参数设置

参数	描述
数据库	ADNI
磁场强度	3.0 T
采集设备	Philip
翻转角	80°
TR	3 000 ms
TE	30 ms
像素大小	3.3 mm × 3.3 mm
切片数量	48
时间点	140

该实验使用数据处理和脑成像分析(data processing & analysis of brain imaging, DPABI)工具箱^[36]进行数据预处理,下载地址为:<http://rfmri.org/dpabi>,处理步骤如下:

- 默认去除原始数据前10帧图像,以使图像稳定;
- 时间层矫正,以第48个切片为基准使每个切片上的数据具有相同时间点;
- 手动调整被试图像,使其与标准图像位置保持一致,再将结构像配到功能像,然后把结构像分割成灰质、白质和脑脊液;
- 控制生理噪声(包括全局信号、灰质白质中的噪声等)和去除线性漂移;
- 校正所有被试者的头部运动,采用Friston 24头动参数模型(包括3个转动参数和3个平动参数);
- 进行归一化和平滑,并过滤数据的频率范围为0.01~0.08 Hz,以此滤除低频偏移和高频噪声;
- 使用AAL地图集识别ROI;
- 再次调整头动,设置头动排除标准:大于2 mm位移和2°旋转角度;
- 筛选配准质量好的结构像与功能像,最后获得32个MCI和32个NC图像。

本文采用SVM来评估我们方法的分类性能.由于样本数量有限,采用五折交叉验证,同时,为避免交叉验证结果的偶然性,重复上述步骤十次,最后结果取平均.为了评估特征选择和特征压缩结合方法的有效性,本文还做了以下对比试验,具体参数由表2列出,步骤简述如下:

- Pearson:计算两两ROI间BOLD信号的皮尔逊相关系数;

- WP:将时间分割成若干份(即窗口),在每个窗口独立地计算皮尔逊相关系数;

- WP-FS:对加窗皮尔逊后的数据只进行特征选择,即通过最小类内距离准则或者最大类间距离准则进行特征筛选,以此减少特征数目;

- WP-FDM:对加窗皮尔逊后的数据进行特征压缩,即通过LS对聚类中心进行线性拟合,以此降低特征维度.其中聚类中心采用有监督方式获得,即将MCI与NC的相关系数组平均分别作为聚类中心;

- P-FS-FDM:对传统皮尔逊先进行特征选择,再进行特征压缩,其中聚类中心分别为MCI与NC经特征选择后的相关系数的组平均;

- WP-FS-FDM:对加窗皮尔逊先进行特征选择,再进行特征压缩,其中其中聚类中心分别为MCI与NC经特征选择后的相关系数的组平均;

- WP-FS-FDN:对加窗皮尔逊先特征选择,后特征压缩,其中聚类中心采用无监督方式(K均值聚类)获得;

表2 各算法参数设置

算法	描述	参数
Pearson	相关系数	皮尔逊
	相关系数	加窗皮尔逊
WP	窗口形状	矩形窗
	窗口大小	20TR
	窗口步长	20TR
WP-FS	特征选择数目	2 000
WP-FDM	有监督聚类个数	2
	特征选择数目	2 000
P-FS-FDM	有监督聚类个数	2
	特征选择数目	2 000
WP-FS-FDM	有监督聚类个数	2
	特征选择数目	2 000
WP-FS-FDN	特征选择数目	2 000
	无监督聚类个数	3,4,5

3.2 实验结果

3.2.1 比较不同特征选择方法的分类性能

首先,我们比较了两种特征选择的方法(包括最小类内、最大类间)的平均分类准确度.由图2可知,两种方法分别在不同的最优值有最大的分类准确率.当特征数小于最优值时,分类准确率都随着特征数的增加而增加.当特征数大于最优值时,准确率

没有进一步提高. 其中,最小类内的方法在特征数目为 2 000 左右时,分类准确率最高,达到 73. 25%.

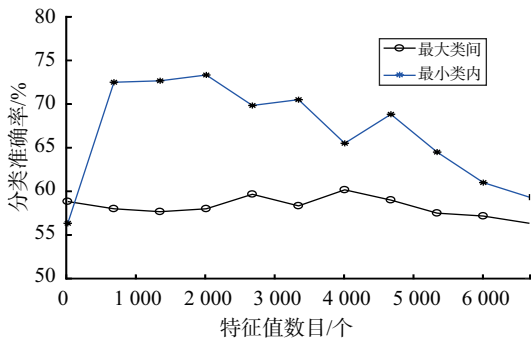


图 2 不同特征选择算法分类结果

3.2.2 LS 特征压缩

将被试用不同状态的线性组合来表达动态功能连接,分别得到 MCI 和 NC 两组拟合系数. 如图 3 所示,MCI 和 NC 的数据由于类间距离较大以及类内距离较小,故分别聚成两簇.

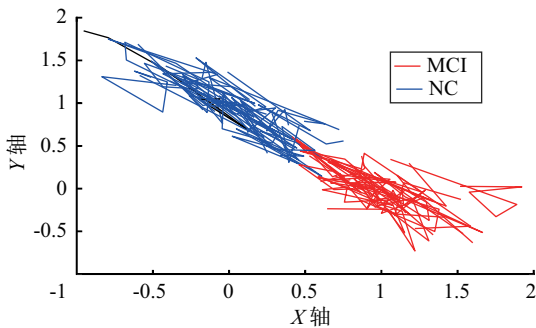


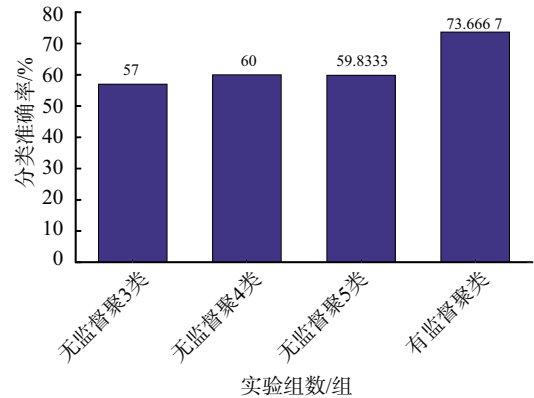
图 3 拟合系数连接动态模式差异

本文将 MCI 和 NC 的 DFC 组平均作为聚类中心,实质是一种有监督聚类方式,为验证本文提出的算法性能,我们比较了有监督和无监督聚类的 LS 特征分类准确率,图 4(a)为十次五折交叉验证实验的均值,图 4(b)为每一次实验的结果. 观察可知,采用有监督聚类的方法获得的分类性能最好,无监督聚类即便是聚 5 类获得了最好的分类准确率,还是远远低于有监督聚类的 LS 特征分类结果.

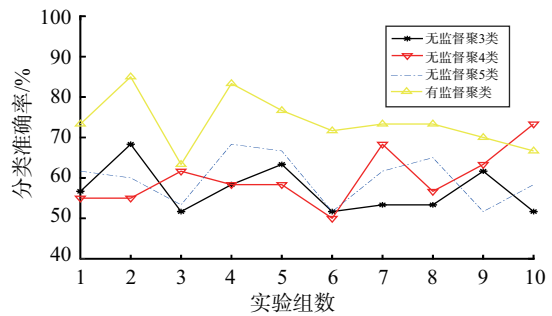
图 5 显示了不同算法的分类性能,图 5(a)为十次五折交叉验证实验的均值,图 5(b)为每一次实验的结果. 从图 5(a)中可以看出,本文提出的方法分类精度最高,相比传统的 Pearson 方法提高了大约 8%,WP、WP-FS、WP-FDM 以及 P-FS-FDM 的分类准确率分别为 62%、69%、62%、72%.

为了观察特征压缩前后的数据特征,使用 PCA 技术将 MCI 和 NC 的样本数据投影到二维空间中便于可视化,如图 6 所示. 一般同一类数据的特征之间

具有高度相似性,易聚在一起. 观察可知,在使用本文算法前,两类数据交错一体,难以分辨. 算法后,两类数据分别排布在分类线两边,易于区分.

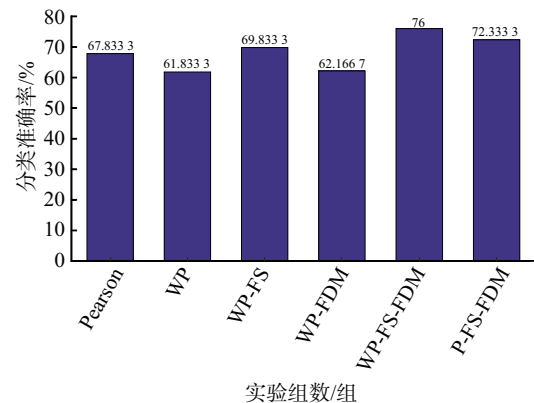


(a)平均分类准确率直方图

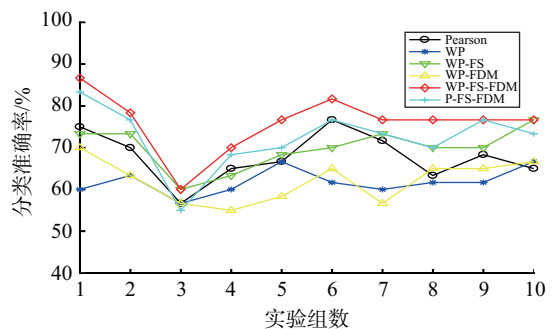


(b)十次实验分类准确率曲线

图 4 有监督和无监督分类结果



(a)平均分类准确率直方图



(b)十次实验分类准确率曲线

图 5 组合算法分类结果

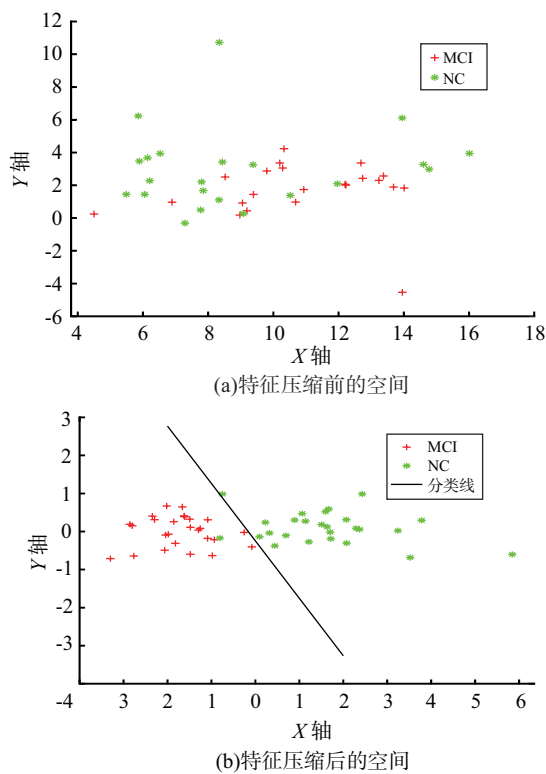


图 6 二维空间中样本的分布情况

4 结语

在使用 rs-fMRI 数据对 MCI 和 NC 分类的研究中,用特征选择或降维来提升分类准确度是可行的,但二者的结合会得到何种结果并未得到充分的讨论.本文试图结合最小类内特征选择和 LS 特征降维两种方式来提高分类性能.特别地,LS 降维可称之为一种特征压缩方法,因为经压缩的特征的信息损失较少,可经聚类中心重建.

本文的 LS 特征压缩中,一个重要步骤是聚类,而聚类又可划分为有监督聚类和无监督聚类.在传统的 DFC 研究中,大多采用无监督聚类,而本文采用有监督的 LS 特征压缩,其分类准确率比无监督聚类的分类结果上升了 13%,一种可能的解释是有监督聚类的聚类簇明确.在有监督方法中,若聚 2 类,则一类是 MCI 组平均,一类是 NC 组平均,用该簇中心点所表达的特征就具有明确结果.例如,一个 MCI 被试者的特征用该簇中心来线性表达时,表达 MCI 簇的权重就较大,而 NC 的权重就较小,因为该被试的特征与 MCI 簇更为接近.相反,无监督聚类所获得的聚类簇并不明确,可能同时存在 MCI 和 NC 被试者的特征,用此聚类中心表达的权重的指向性就不太明确.

特征选择是筛选具有显著组间差异性的特征,而

降维是减少特征维数的过程.特征降维通常会带来信息丢失,毕竟数据量经降维后会相应减少.PCA 是典型的有损降维,而本文提出的 LS 压缩可减少信息的丢失.为了观察特征降维后的数据形态,我们分别对比了这两种算法降到二维的结果,发现经 PCA 降维的特征矢量在二维空间中分布较为散乱,两类数据互相交错,难以区分.另一方面,经 LS 压缩的特征投射至二维空间后,两类特征间的分类线可轻易找到.该结果说明,MCI 和 NC 两类样本经 LS 特征压缩后比经 PCA 降维后更易区分,这也印证了无损的压缩可能比有损的压缩具有更好的分类性能.

在实验中,还在算法中加入加窗皮尔逊的方法,目的在于测试该方法与特征选择和压缩间可能存在的关联.首先,总体看,加窗皮尔逊经特征选择后比无窗皮尔逊的分类准确率高,这也在情理之中,毕竟加窗的方法增加了特征的动态信息.其次,加窗皮尔逊只运用特征选择或者只采用特征压缩时,分类准确率并不能达到最高,而同时选用两种方法时,分类准确率将达到最高的 76%.一个合理的解释是,特征选择可能去除了冗余信息,而特征压缩消除了维度诅咒,两种方法在提高分类准确率上应该都是必须的.这也证实了本文的一种重要结论:特征选择和特征降维的结合可有效提升分类准确率.

此外,本文本应关注另一重要问题,FC 的动态特性.皮尔逊相关加窗后其实已具有了动态性,但本文的重心还是在于加窗的特征维度变大后分类性能如何提高,并未对其动态性做深入研究.本文的实验结果表明,FC 的特征经 LS 压缩后投射到低维空间呈现了运动的形态,且现有的研究已证实,MCI 的 FC 动态性能与 NC 有所区别,因此,研究 MCI 和 NC 间 LS 压缩特征的运动特性差异也将具有积极意义.在未来的工作中,我们可尝试采用图论的方法分析 LS 特征压缩的时变规律,利用图密度、平均路径长度和小世界性等指标分析相关性能.

参考文献:

- [1] MUKKU S S R, VARGHESE M, BHARATH S, et al. Mild cognitive impairment - a hospital - based prospective study [J]. *Journal of Geriatric Mental Health*, 2019, 6(1): 19.
- [2] MIER W, MIER D. Advantages in functional imaging of the brain [J]. *Frontiers in human neuroscience*, 2015, 9: 249.
- [3] PEARLSON G D. Applications of resting state functional MR imaging to neuropsychiatric diseases [J]. *Neuroimaging Clinics*, 2017, 27(4): 709 - 723.
- [4] FODOR Z, HORVÁTH A, HIDASI Z, et al. EEG Alpha and

- Beta Band Functional Connectivity and Network Structure Mark Hub Overload in Mild Cognitive Impairment During Memory Maintenance[J]. *Frontiers in aging neuroscience*, 2021, 13.
- [5] ZHAO S, RANGAPRAKASH D, LIANG P, et al. Deterioration from healthy to mild cognitive impairment and Alzheimer's disease mirrored in corresponding loss of centrality in directed brain networks[J]. *Brain Informatics*, 2019, 6(1): 1–11.
- [6] LÓPEZ – SANZ D, BRUÑA R, GARCÉS P, et al. Functional connectivity disruption in subjective cognitive decline and mild cognitive impairment: a common pattern of alterations[J]. *Frontiers in aging neuroscience*, 2017, 9: 109.
- [7] FENG Q, WANG M, SONG Q, et al. Correlation between hippocampus MRI radiomic features and resting – state intrahippocampal functional connectivity in Alzheimer's disease[J]. *Frontiers in Neuroscience*, 2019, 13: 435.
- [8] WANG S, ZHAN Y, ZHANG Y, et al. Abnormal long – and short – range functional connectivity in adolescent – onset schizophrenia patients: a resting – state fMRI study[J]. *Progress in Neuro – Psychopharmacology and Biological Psychiatry*, 2018, 81: 445 – 451.
- [9] HOU J, YE X, FENG W, et al. Distance correlation application to gene co – expression network analysis[J]. *BMC bioinformatics*, 2022, 23(1): 1 – 24.
- [10] XU X, LI W, MEI J, et al. Feature selection and combination of information in the functional brain connectome for discrimination of mild cognitive impairment and analyses of altered brain patterns[J]. *Frontiers in aging neuroscience*, 2020, 12: 28.
- [11] SAETIA S, YOSHIMURA N, KOIKE Y. Constructing Brain Connectivity Model Using Causal Network Reconstruction Approach[J]. *Frontiers in neuroinformatics*, 2021, 15: 5.
- [12] DAVEY C E, GRAYDEN D B, JOHNSTON L A. Correcting for Non – stationarity in BOLD – fMRI Connectivity Analyses[J]. *Frontiers in neuroscience*, 2021, 15: 157.
- [13] JIAO Z, GAO P, JI Y, et al. Integration and Segregation of Dynamic Functional Connectivity States for Mild Cognitive Impairment Revealed by Graph Theory Indicators[J]. *Contrast Media & Molecular Imaging*, 2021, 2021.
- [14] JIAO Z, GAO P, JI Y, et al. Multitask fMRI and machine learning approach improve prediction of differential brain activity pattern in patients with insomnia disorder[J]. *Scientific reports*, 2021, 11(1): 1 – 13.
- [15] AL – ZUBAIDI A, MERTINS A, HELDMANN M, et al. Machine learning based classification of resting – state fMRI features exemplified by metabolic state (hunger/satiety)[J]. *Frontiers in human neuroscience*, 2019, 13: 164.
- [16] WANG R, YIN Y, GUI Y, et al. Network Measures and Brain connectivity Analysis of EEG Signal of Alzheimer's Patients Using SVM[C]//2021 40th Chinese Control Conference (CCC). IEEE, 2021: 3143 – 3148.
- [17] SYAIFULLAH A H, SHIINO A, KITAHARA H, et al. Machine learning for diagnosis of AD and prediction of MCI progression from brain MRI using brain anatomical analysis using diffeomorphic deformation[J]. *Frontiers in Neurology*, 2021, 11: 1894.
- [18] RAJAMANICKAM K. A mini review on different methods of functional – MRI data analysis[J]. *Archives of Internal Medicine Research*, 2020, 3(1): 44 – 60.
- [19] DURIEUX J, WILDERJANS T F. Partitioning subjects based on high – dimensional fMRI data: comparison of several clustering methods and studying the influence of ICA data reduction in big data[J]. *Behaviormetrika*, 2019, 46(2): 271 – 311.
- [20] IBRAHIM B, SUPPIAH S, IBRAHIM N, et al. Diagnostic power of resting – state fMRI for detection of network connectivity in Alzheimer's disease and mild cognitive impairment: A systematic review[J]. *Human brain mapping*, 2021, 42(9): 2941 – 2968.
- [21] LAZAR C, TAMINAU J, MEGANCK S, et al. A survey on filter techniques for feature selection in gene expression microarray analysis[J]. *IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics*, 2012, 9(4): 1106 – 1119.
- [22] HUANG X, ZHANG L, WANG B, et al. Feature clustering based support vector machine recursive feature elimination for gene selection[J]. *Applied Intelligence*, 2018, 48(3): 594 – 607.
- [23] AMINI F, HU G. A two – layer feature selection method using genetic algorithm and elastic net[J]. *Expert Systems with Applications*, 2021, 166: 114072.
- [24] ALELYANI S. Stable bagging feature selection on medical data[J]. *Journal of Big Data*, 2021, 8(1): 1 – 18.
- [25] CRADDOCK R C, HOLTZHEIMER P E, HU X P, et al. Disease state prediction from resting state functional connectivity[J]. *Magnetic resonance in medicine*. 2009, 62: 1619 – 1628.
- [26] SIDHU G. Locally linear embedding and fMRI feature selection in psychiatric classification[J]. *IEEE journal of translational engineering in health and medicine*, 2019, 7: 1 – 11.
- [27] WANG M, LI C, ZHANG W, et al. Support Vector Machine for Analyzing Contributions of Brain Regions During Task – State fMRI. *Front. Neuroinform.* 2019, 13: 10.

- [28] LOPEZ M, RAMIREZ J, GARRIZ J, et al. Principal component analysis – based techniques and supervised classification schemes for the early detection of Alzheimer’s disease. *Neurocomputing*, 2011, 74: 1260 – 1271.
- [29] WANG L, LEI Y, ZENG Y, et al. Principal feature analysis: a multivariate feature selection method for fMRI data [J]. *Computational and mathematical methods in medicine*, 2013, 2013.
- [30] CALESELLA F, TESTOLIN A, DE GRAZIA M D F, et al. A comparison of feature extraction methods for prediction of neuropsychological scores from functional connectivity data of stroke patients [J]. *Brain informatics*, 2021, 8(1): 1 – 13.
- [31] CHEN B, CHEN A J. PCA based dimensionality reduction of MRI images for training support vector machine to aid diagnosis of bipolar disorder [J]. 2019.
- [32] XU L, RAITOHARJU J, IOSIFIDIS A, et al. Saliency – Based Multilabel Linear Discriminant Analysis [J]. *IEEE Transactions on Cybernetics*, 2021.
- [33] MILLER R L, YAESOUBI M, TURNER J A, et al. Higher dimensional meta – state analysis reveals reduced resting fMRI connectivity dynamism in schizophrenia patients [J]. *PLoS one*, 2016, 11(3): e0149849.
- [34] VALENTE G, CASTELLANOS A L, VANACORE G, et al. Multivariate linear regression of high - dimensional fMRI data with multiple target variables [J]. *Human brain mapping*, 2014, 35(5): 2163 – 2177.
- [35] RASERO J, AMOROSO N, LA ROCCA M, et al. Multivariate regression analysis of structural MRI connectivity matrices in Alzheimer’s disease [J]. *PLoS One*, 2017, 12(11): e0187281.
- [36] YAN C G, WANG X D, ZUO X N, et al. DPABI: data processing & analysis for (resting – state) brain imaging [J]. *Neuroinformatics*, 2016, 14(3): 339 – 351.

Feature Selection and Compression of rs – fMRI Functional Connection in MCI

YAN Jie¹, WU Hai-feng^{1,2}, BAO Han²

(1. School of Electrical and Information Technology, Yunnan Minzu University, Kunming 650500, China;

2. Yunnan University Intelligent Sensor Network and information system science and technology innovation team, Yunnan Minzu University, Kunming 650500, China)

Abstract: The diagnosis and timely treatment of mild cognitive impairment (MCI) has clinical significance in providing early warning signals for Alzheimer’s Disease. The performance of the methods for auxiliary diagnosis of MCI by neuroimaging technology and machine learning (ML) is mainly depend on how to screen for features that can express significant differences between groups. The commonly used Pearson correlation method represents the brain functional connection (FC) and take it as the input features of the classifier. Usually, A large number of features that contain redundant information can create a dimension curse problem. Thus, proposing a method combining feature selection and feature compression to get important features to solve the problem. Firstly, Sliding window technology is used to perform dynamic functional connectivity (DFC). Secondly, the minimum in – class distance criterion is used to get important features. Then the selected features are compressed by least square (LS). Finally, the fitting coefficient obtained by LS is used as the latest feature to achieve classification. The experimental results show that the classification accuracy of the algorithm combining feature compression and feature selection can achieve 76%, which is about 8% higher than the traditional method. It can effectively improve the classification accuracy of MCI, which has certain biological significance.

Key words: machine learning; resting – state functional magnetic resonance imaging; dynamic functional connectivity; feature selection; feature compression

(责任编辑 梁志茂)