

使用IVA-GL和GIG-ICA进行独立成分分析

Alex / 2018-10-15 / free_learner@163.com / AlexBrain.cn

更新于2023-07-19，主要是文字排版上的更新，内容基本保持不变。

IVA-GL和GIG-ICA是GIFT提供的两种分析fMRI数据的算法，相比于经典做法，这两种算法在理论上能更好地分离个体变异。

一、GIFT默认的ICA算法

我在以前的[博客](#)中介绍过如何使用GIFT进行独立成分分析（ICA），其中使用的是默认的ICA算法（该算法一般称为Temporal Concatenation Group ICA, TCGICA）。这种算法分为两步（Calhoun et al., 2001），第一步对所有被试的数据进行ICA，获得一组组水平独立成分（命名为 `*agg__component_ica.nii`）；第二步根据组水平独立成分重建每个被试的个体水平独立成分（命名为 `*_sub*_component_ica_s1.nii`）。为什么要采用这种做法呢？原因是ICA得到的独立成分次序具有不确定性，如果在每个被试上单独进行ICA，那么不同被试间的独立成分很难匹配起来，无法进行组水平统计分析。解决方法就是把所有被试数据放在一起进行ICA，再根据组水平成分获得个体水平成分，这样就避免了被试间成分不匹配的问题。这个解决方案的局限是，如果个体间成分变异比较大，这种方法得到的个体水平独立成分不够准确。尽管如此，这种方法仍然是目前普遍接受的做法。IVA-GL和GIG-ICA是两种理论上优于TCGICA的算法，IVA-GL不再借助于组水平独立成分来解决成分次序的问题，而是通过优化不同被试间成分的依赖性来实现成分匹配；GIG-ICA仍然依靠组水平独立成分来匹配成分，但是通过同时优化个体水平成分的独立性和个体水平-组水平成分相似性来达到提高个体水平成分准确性的目的。为什么说是理论上优于经典做法呢？原因是这两种算法似乎较少用于实际的fMRI研究，在真实fMRI数据中的测试是有限的。关于更多IVA-GL/GIG-ICA的算法原理和测试表现，可以参考这篇文献（Du et al., 2017）及其Reference部分。另外，需要注意区分的是ICA算法和ICA组分析算法的区别，上面提到的TCGICA/IVA-GL/GIG-ICA都是ICA组分析算法，是为了适应分析多被试fMRI数据而提出的；ICA算法的目标是分离相互独立的成分，常见算法有Infomax/FastICA等。ICA组分析算法和ICA算法的关系似乎是属于包含和被包含的关系，即ICA组分析算法应该理解为将ICA算法拓展到多被试数据的情形。在GIFT里，将Infomax/FastICA与IVA-GL/GIG-ICA并列在一起，我觉得是容易造成误解的。

Calhoun, V. D., Adali, T., Pearlson, G. D., & Pekar, J. J. (2001). A method for making group inferences from functional MRI data using independent component analysis. *Human brain mapping*, 14(3), 140–151. <https://doi.org/10.1002/hbm.1048>

Du, Y., Lin, D., Yu, Q., Sui, J., Chen, J., Rachakonda, S., Adali, T., & Calhoun, V. D. (2017). Comparison of IVA and GIG-ICA in Brain Functional Network Estimation Using fMRI Data. *Frontiers in neuroscience*, 11, 267. <https://doi.org/10.3389/fnins.2017.00267>

二、使用IVA-GL

由于我在以前的博客已经介绍过如何使用GIFT进行ICA，这里只说明不同的地方（GIFT版本v4.0b）。



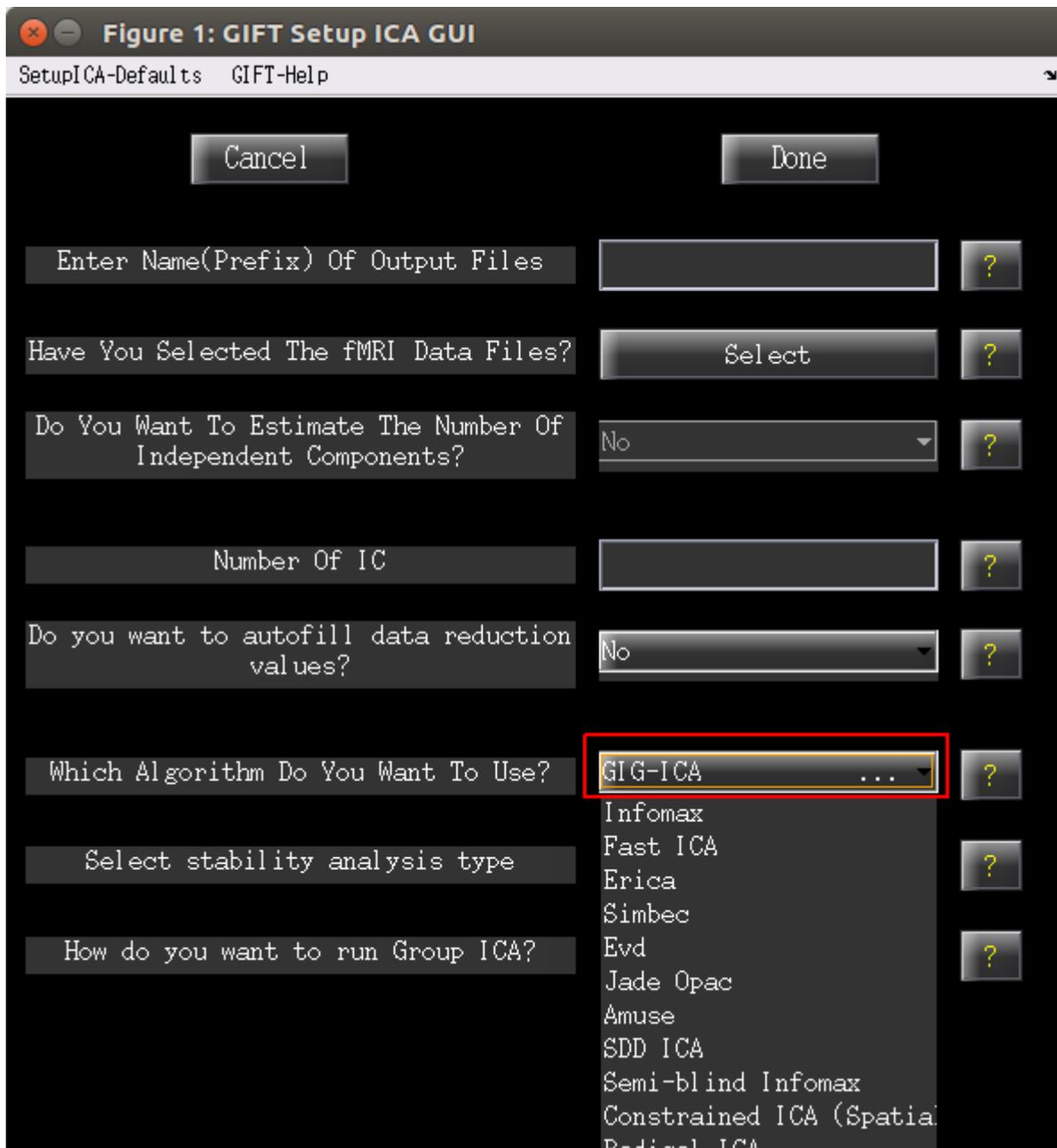
默认情况下，在"Which Algorithm Do You Want To Use"选项里会使用"Infomax"。正如我第一段讲到的，Infomax是ICA算法，选择"Infomax"表示使用的ICA组分析算法是TCGICA，并在分解组水平成分时使用Infomax；同样地，如果选择"Fast ICA"，表示使用的组分析算法是TCGICA，并用Fast ICA提取组水平成分。



如果要使用"IVA-GL"，只需要在"Which Algorithm Do You Want To Use"选项中选择"IVA-GL"即可，其他部分保持默认即可。在生成的结果上，由于不需要借助组水平独立成分，因此不会生成 `*agg__component_ica.nii` 文件，可以根据 `*_mean_component_ica_s_all.nii` 或 `*_tmap_component_ica_s1.nii` 来查看每个成分反映的是什么脑网络。

三、使用GIG-ICA

如果要使用"GIG-ICA"，先在"Which Algorithm Do You Want To Use"选项中选择"GIG-ICA"，其他不变；



然后在弹出的下一个界面中选择一组组水平独立成分，这组组水平独立成分可以是TCGICA生成的结果（*agg__component_ica.nii），也可以是其他来源的独立成分模板；既可以包含所有的独立成分，也可以只包含一个或几个自己感兴趣的脑网络成分。在生成的结果上，由于借助其他方法得到的组水平独立成分，因此也不会生成 *agg__component_ica.nii 文件。

Figure 2: Select aggregate images from group ica ...

