arXiv:2602.01482v1 [q-bio.NC] 1 Feb 2026

面向稳健且具解剖学依据的个体化脑图谱绘制的脑回折叠模式社区级建模

Minheng Chen[a]、Tong Chen[a]、Yan Zhuang[a]、Chao Cao[a]、Jing Zhang[a]、Tianming Liu[b]、Lu Zhang[*c]、Dajiang Zhu[*a]

[a]德克萨斯大学阿灵顿分校计算机科学与工程系，美国德克萨斯州阿灵顿，邮编*76019*[b]佐治亚大学计算学院，美国佐治亚州雅典，邮编*30602*[c]印第安纳大学印第安纳波利斯分校计算机科学系，美国印第安纳州印第安纳波利斯，邮编*46202*

摘要

皮层折叠存在显著的个体间变异，但也包含稳定的解剖标志，可用于对皮层组织进行精细表征。在这些标志中，三铰链脑回（3HG）是一种信息丰富的折叠基元，既表现出较强的种内一致性，又在形态、连接性和功能相关性方面呈现有意义的差异。然而，以往基于标志点的方法通常孤立地建模每个3HG，忽视了3HG会形成更高阶的折叠社区，从而体现中尺度组织结构这一事实。忽略这种社区级组织会过度简化脑回结构，并使一对一的标志匹配对精细的位置变异和噪声高度敏感。我们提出一种谱图表示学习框架，明确建模社区级折叠单元，而非孤立的标志。我们采用双剖面表示来表征每个3HG，将其拓扑表面上下文与结构连接指纹相结合。该框架通过受试者特异性谱聚类模块识别连贯的折叠社区，随后进行拓扑细化，以确保解剖连续性。为建立跨受试者对应关系，我们提出联合形态-几何匹配（JMGM），通过联合优化几何相似性和形态测量相似性来对齐社区级表示。在超过1,000名人类连接组计划受试者的数据中，与基于图谱以及现有的基于标志点或嵌入的方法相比，所得折叠社区的形态测量方差显著降低、模块化组织更强、跨受试者对齐效果更优，半球一致性也有所改善。这些结果表明，对脑回标志进行社区级建模，可为个体化皮层表征提供稳健且具有解剖学依据的基础，从而实现更可靠的对应关系和高分辨率受试者特异性分析。

关键词：皮层折叠模式，个体化脑图谱绘制，地标群落对应，三铰回

*通讯作者。电子邮箱：lz50@iu.edu (L. Zhang)、dajiang.zhu@uta.edu (D. Zhu)。

1. 引言

人脑是一个高度复杂且适应性极强的器官，是认知、情感和行为的中枢。其外层大脑皮层具有高度褶皱的结构，由凸起的脑回和凹陷的脑沟构成 [1]。这种皮层折叠模式对其功能至关重要，因为它能将较大的表面积容纳在相对狭小的颅腔空间内，从而最大限度地提升大脑的处理能力 [2]。人类大脑皮层通常分为多个承担不同功能的区域；了解这些区域在空间布局和组织方式上的变异，对于加深我们对皮层组织、脑发育以及疾病相关改变的认识至关重要 [3]。为系统研究此类区域特异性组织及其个体间变异，脑图谱绘制已成为识别和描述脑结构与功能区域的重要框架 [4]。精准的脑图谱绘制有助于更好地理解个体差异、个体间差异，以及阿尔茨海默病 [5, 6, 7], 、精神分裂症 [8], 和癫痫 [9]等神经系统疾病的影响。多年来，研究者提出了许多绘制脑图谱的方法，其中分区技术是应用最广泛的方法之一 [10]。这些技术通常依据解剖特征 [11] 或功能特性 [12], 将大脑划分为不同区域，而这些区域往往是理解脑连接和病理的基础 [13]。为进一步推动这一研究方向，本研究提出了一种新颖的基于皮层标志的系统，可在不同个体间建立脑回标志之间可靠的群落层级对应关系。与传统的图谱驱动方法不同，后者强制将所有大脑映射到共同图谱上，因而忽略了个体解剖变异；我们的方法在实现跨受试者一致映射的同时保留了个体差异。这项创新使我们能够构建更精细且以解剖结构为依据的连接组，同时尊重个体的折叠结构。这样的表征为个体化连接组分析提供了更可靠的基础，使我们能够以兼具生物学意义且在不同受试者间保持一致的尺度，考察结构模式和连接模式。

传统的脑图谱绘制方法主要依赖预定义的模板或图谱，以建立个体之间的解剖对应关系（图 1(a)）。在这一范式中，首先通过空间配准和归一化，将个体脑部扫描对齐到一个公共参考空间，随后根据图谱定义将皮层划分为感兴趣区域（ROI） [14, 15]。一个代表性示例是 FreeSurfer 中实现的基于图谱的处理流程 [11, 16]。在该框架下，根据既定的解剖学规则，对经过人工标注的皮层表面构建标准脑图谱 [17]。对于新的受试者，FreeSurfer 通过将个体皮层表面对齐到图谱，从皮层表面提取几何信息和局部邻域关系作为特征，并应用概率建模来确定区域分配，从而自动分配区域标签。这一过程能够识别受试者之间具有解剖对应关系的区域，促进高效的群体水平分析，并实现对群体水平大尺度皮层组织的刻画。然而，这些基于图谱的方法从根本上依赖于这样一种假设：个体脑解剖结构，尤其是脑回和脑沟的组织，与受共同遗传和环境因素影响而形成的公共模板高度相似 [18]。当存在显著的个体间变异时，尤其是在皮层折叠模式方面，这一假设便会受到限制，因为不同个体在几何形态和空间组织上呈现出明显差异。因此，在建立对应关系时，刚性地将空间对齐到标准模板可能会掩盖受试者特异性的解剖差异。这些局限性——

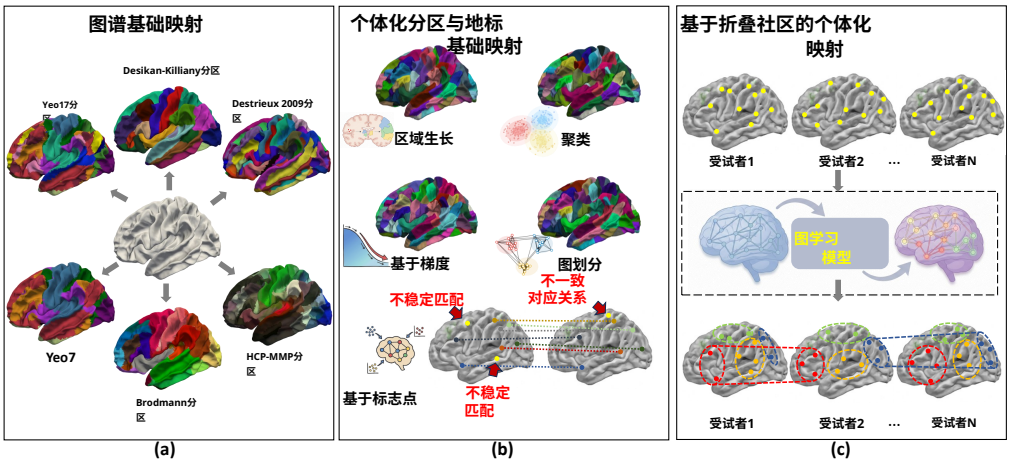


图 1：当前脑图谱绘制的主要范式概览及本文提出的基于折叠社区的个体化框架。(a) 基于图谱的映射通过模板驱动配准分配预定义的区域标签，便于进行组水平比较，但往往会掩盖精细尺度的折叠变异性。(b) 数据驱动的个体化脑区划分和既有的基于标志点的方法旨在捕捉被试特异性模式。然而，数据驱动的脑区划分通常缺乏用于建立跨被试对应关系的稳定解剖学锚点，而现有的基于标志点的方法忽略了社区层面的折叠组织，因此仍易受较高个体间变异性的影响。(c) 本文提出的基于折叠社区的个体化映射。首先识别每位受试者的脑回标志，再通过图学习将其组织成折叠社区，并在社区层面进行跨被试对齐，从而获得具有解剖学依据且可用于建立对应关系的折叠表征。

阻碍了可靠个性化脑图谱的构建，并可能降低对个体特异性解剖组织的敏感性，从而限制神经影像学研究结果在不同人群中的普适性 [19]。因此，亟需发展能够更好地保留个体解剖变异、同时仍可实现准确且一致的跨受试者比较的脑图谱绘制策略。

为解决基于图谱的脑图谱绘制方法在捕捉个体间解剖变异方面的局限，近年来计算方法的发展推动了越来越多的个体化脑图谱绘制方法出现（图 1(b)）。这些方法直接在每位受试者的原生空间中定义区域，旨在保留被试特异性组织，同时减少对公共模板的依赖。代表性方法包括基于聚类的 [20, 21], 基于区域生长的 [22], 和基于图划分的 [23] 个体化分区技术，这些方法依据功能相似性或连接模式 delineate 皮层亚区。尽管取得了这些进展，现有个体化分区方法仍存在若干重要局限。许多方法仅依据功能同质性 [21]或连接模式 [24], 定义区域边界，因而得到的分区通常缺乏直接的解剖学可解释性。因此，所得到的区域可能无法与一致的皮层解剖学标志点相对应，从而限制了其建立有意义的跨被试对应关系的能力。此外，由于功能同质性和连接模式本身会受到个体间皮层形态及折叠组织差异的影响，这类分区容易受到受试者之间解剖变异的影响 [25]。这种敏感性使得人们难以将真正的被试特异性功能组织，与由潜在解剖差异间接导致的变异区分开来。总体而言，这些局限凸显了对脑图谱绘制框架的需求：该框架应明确利用稳定的解剖学标志点，以同时实现可靠的

个体化脑图谱绘制，以及受生物学意义支持的受试者间可比性。此外，尽管现有基于图谱的方法和个体化方法具有个体化特征，但最终仍在预定义区域层面概括皮层组织，将亚感兴趣区层面的信息聚合为粗粒度的感兴趣区到感兴趣区连接性测量。这种聚合会丢失与局部皮层折叠密切相关的精细解剖和连接性细节，因此促使人们探索更精细且以解剖学为基础的表征 [26]。

超越基于分区的策略，越来越多的证据表明，特定的皮层折叠特征可作为稳定的解剖学标志点，用以锚定个体间的皮层组织 [27]。此类标志点反映了嵌入皮层结构中稳定而一致的折叠模式，这些模式由神经发育约束塑造，并与周围皮层区域呈现特征性空间关系，因而非常适合个体化脑图谱绘制。早期工作已证明，由折叠衍生的标志点，如脑沟凹和脑回峰，具有较高的个体间可重复性，并与功能特化及发育约束密切相关 [28, 29, 30]。这些发现将皮层标志点确立为基于区域分区的一种有前景的替代方案，用于捕捉具有解剖学依据的个体差异。基于这一认识，一系列研究试图利用皮层标志点构建个体化解剖图谱。然而，在现有文献的大部分研究中，标志点识别依赖于多模态数据，包括功能性磁共振成像、扩散张量成像以及多种结构对比 [31, 32, 33, 34, 35]。这种依赖限制了此类方法在大型队列中的适用性，并降低了基于标志点的跨个体映射的稳健性、可重复性和可扩展性。在这一更广泛的解剖学标志点类别中，三铰链脑回（3HG）提供了一种尤为引人注目的替代方案，因为它可从标准T1加权磁共振成像中可靠识别，同时兼具较强的种内稳定性与有意义的个体间变异这一独特组合 [36, 37, 38]。既往研究已证明，3HG具有独特的形态计量学特征 [39], 、更密集且更异质的结构连接 [40], ，以及在皮层-皮层通讯中的枢纽样作用 [41, 42]。我们最近的工作进一步表明，基于3HG的连接组可改善神经退行性疾病的诊断，并对疾病进展和分期具有更高的敏感性 [43, 44, 45]。尽管具有这些优势，现有基于3HG的框架仍局限于单一标志点的节点级建模。在这些方法中 [46, 47, 48, 49], ，每个3HG都被视为需跨个体匹配的独立单元，而很少考虑3HG自然形成的高阶折叠分组。Zhang等人 [50] 的近期工作表明，此类中尺度折叠社区承载着有意义的解剖结构，凸显了当前对应方法中的一个关键缺口。忽视这种社区级组织会过度简化脑回结构，并使对应关系对细尺度位置变异、折叠方面的个体间差异以及磁共振成像数据固有的噪声高度敏感。更根本地，脑是一个内在的网络化系统，其结构与功能源于成组要素之间的协调相互作用，而非孤立的节点 [51, 52]。从这个视角看，社区级表示比单一地标匹配更能提供具有生物学意义且有原则的皮层组织描述。因此，一对一标志对应本质上变得不稳定且易出错，这促使研究从孤立的地标匹配转向社区级建模与对齐，以支持更稳健、更准确的跨受试者解剖映射。

本文提出一种通过对脑回褶皱模式进行谱图表示学习来实现个体化脑图谱绘制的新方法（图 1(c)）。为刻画个体的 3HG 地标，我们首先开发了双剖面特征表示，将每个地标的拓扑上下文与其结构连接指纹相结合。在此基础上

我们设计了一种由深度学习驱动、针对受试者的图谱聚类算法，将每位受试者的 3HG 划分为预定数量的社区。为确保解剖学合理性，后续的连接校正模块会强制聚类后的 3HG 保持拓扑一致性。利用这一处理流程，我们进一步采用联合形态—几何匹配（JMGM）策略，在社区层面建立稳健的跨个体对应关系。我们在 人类连接组计划数据集上验证了该框架，并通过广泛的定性和定量分析证明，该框架不仅能生成稳定的受试者内 3HG 划分，还能保持受试者间的社区层面一致性。总之，本研究建立了一个严谨且以解剖学为基础的 3HG 皮层地标社区层面对应框架，为后续的个体化脑图谱绘制工作奠定了必要基础。

2. 方法

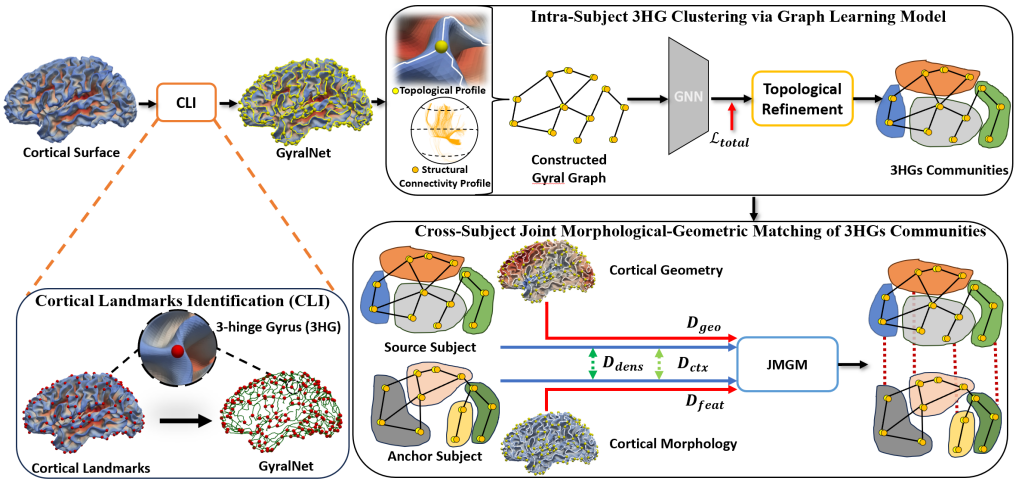


图 2：所提出的个体化皮层地标社区级对应处理流程概览。首先在皮层表面上识别 3HG，然后通过受试者特异性图神经网络进行聚类，并进行拓扑细化，以确保空间连续性。通过形态学与几何联合匹配获得 3HG 社区的跨被试对应关系，并使用匈牙利指派算法求解，再进行锚定以实现一致的队列级标记。

2.1. 个体化皮层地标对应构建流程概览

本研究旨在通过分析局部精细尺度的脑回褶皱模式（即3HG）来构建个体化的皮层地标对应关系。我们的方法旨在利用谱图表示学习捕捉受试者之间脑回褶皱的解剖变异。如图2所示，该处理流程包含四个主要分量：1）基于其拓扑上下文和结构纤维连接模式的每个3HG的双剖面特征表示；2）使用图神经网络的受试者特异性聚类步骤，以识别大脑半球内连贯的3HG社区；3）连接约束的拓扑精化过程，以确保簇的空间连续性和解剖学合理性；以及4）跨个体映射流程，通过联合形态-几何匹配策略在个体间建立簇之间的对应关系。该框架能够构建

一致的、具有解剖学基础的皮层图谱，这些图谱反映受试者特异性的褶皱模式并支持群体水平分析。各分量的细节将在以下各节中介绍。

2.2. 三铰回的特征表示

如何通过能够捕捉拓扑结构和连接模式的特征表示，精确表征各受试者中的3HG，同时确保每个受试者中的每个3HG均有唯一界定，并实现个体间一致的解剖对应关系，是脑回褶皱模式跨受试者对齐面临的一项重大挑战。我们此前的工作 Cortex2Vec [46]，利用特定皮层图谱提供的脑区标注，构建了3HG的层级表示。具体而言，该方法依据图谱定义的脑区，对每个三铰回点及其邻近节点所在位置进行编码。近期一项研究 [53] 进一步改进了这种编码方法，通过引入节点间的结构相似性，更好地确保每个3HG在受试者内的差异性。尽管现有方法能够为共享拓扑属性的节点赋予较高的相似度，但在用于建立跨受试者3HG对应关系时，仍容易受到个体差异的影响。这是因为单个受试者可能存在多个拓扑结构相近的3HG；或者，一个受试者皮层表面上的某个3HG，在另一受试者中可能找不到具有相似拓扑特征的对应项。

为克服这些局限，我们提出一种双剖面特征表示，用于捕捉每个3HG的拓扑和结构特征。拓扑剖面编码3HG的内在拓扑连接和邻域关系，确保褶皱构型和空间位置相似的节点被归为一组。具体而言，我们将 [53]中描述的3HG一跳结构相似性用作拓扑剖面。结构连接剖面基于轨迹图模型 [54, 55], 构建；轨迹图模型是一种定量纤维束描述符，用于刻画穿过每个3HG的纤维形态。因此，我们为每个3HG提取两个特征向量：一个描述其拓扑相似性剖面，另一个描述其结构连接剖面。随后将这两个向量拼接起来，作为稍后介绍的图神经网络模型的节点特征输入。

2.3. 基于图神经网络的受试者内*3HG*聚类

基于提取的双剖面特征，我们将单个大脑半球内3HG的聚类表述为受试者特异性图上的节点聚类任务。每个节点代表一个3HG，边则编码由GyralNet [38], 这一皮层脑回组织模式获得的拓扑邻接关系。我们采用两层图神经网络（GNN）学习同时整合局部特征与图上下文的节点嵌入，从而对图进行无监督划分，得到空间连贯且解剖学上有意义的簇。该步骤生成针对每位受试者独特褶皱拓扑定制的皮层折叠模式个体化分区。

给定大脑皮层半球上的n个3HG、从 Gy- ralNet 获得的邻接矩阵$\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times n}$ 以及与这些3HG相对应的双剖面特征$\mathbf{X} \in \mathbb{R}^{n\times r}$ 。我们的目标是计算软分配矩阵 $\mathcal{P} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ ，将这些3HG划分为k 个簇。我们首先应用双层图卷积网络来计算节点嵌入$\mathbf{Z} \in \mathbb{R}^{n\times d}$，其中$d$ 为隐藏维度。对于网络的第t层，输入为特征

矩阵$\mathbf{X}^{(t)}$，由前一层生成；以及邻接矩阵 $\hat{}\mathbf{A}$ $(\mathbf{X}^{(1)} = \mathbf{X})$。逐层传播可写为：

$$X^{(t+1)} = \sigma(\hat{D}^{-1/2}\,\hat{\mathbf{A}}\,\hat{D}^{-1/2}\,\mathbf{X}^{(t)}\,\mathbf{W}^{(t)} + \mathbf{X}^{(t)}\mathbf{W}^{(t)}_{\text{skip}}) \tag{1}$$

其中 $\hat{}\mathbf{A} = A + I$, $\hat{}D_{ii} = \sum_j \hat{}\mathbf{A}_{ij}$, $\hat{}D = \text{diag}(\hat{}D_{ii})$, σ为逐元素激活函数，$\mathbf{W}^{(t)}$和$\mathbf{W}^{(t)}{}_{\text{skip}}$是第$t$层的可学习权重矩阵。随后，输出的节点嵌入经多层感知机层和 softmax 函数处理，得到软分配概率$\mathcal{P} \in \mathbb{R}^{n\times k}$（见公式 2），从而使分配过程可微。

$$\mathcal{P} = \text{softmax}(\text{MLP}(\mathbf{Z})) \tag{2}$$

在我们的初步研究中， [56], 我们将最大化 GyralNet 的谱模块度 [57] 作为这一无监督图聚类任务的代价函数。图模块度 [58]通过比较观测到的社区内边密度与随机零模型下的预期密度，量化网络划分为多个社区的强度，并已被广泛用作图聚类的目标函数 [57, 59, 60]。图谱模块度最大化的损失函数可表示如下：

$$\mathcal{L}_m = -\frac{1}{2m}\,\text{Tr}(\mathcal{P}^\top \mathbf{B}\mathcal{P}) + \frac{\sqrt{k}}{n}\left\|\sum_i \mathcal{P}_i^\top\right\|_F - 1 \tag{3}$$

然而，仅依靠最大化谱模块度并不能得到最优划分。首先，这种启发式方法忽略了各个 3HG 节点的特征属性。其次，正如我们先前的工作 [56] 所示，它对较小社区缺乏敏感性，也无法确保每个社区内部的拓扑连续性。为解决这些不足，我们引入了若干辅助优化目标，将其作为图神经网络聚类框架中的损失项。

与许多以往构建脑网络的研究一样， [61, 62, 12], 我们需要保持每个簇的空间连续性，以区分网络节点与由节点构成的大规模网络。为此，我们首先计算图中所有节点对之间最短路径距离的矩阵 $M \in \mathbb{R}^{n\times n}$。对于每个簇 c，我们通过节点 $\mathcal{P}_c$ 的软分配构建权重矩阵 $\mathcal{P}_c\mathcal{P}_c^\top$，并计算簇中所有节点距离的加权平均值。随后，我们引入一个损失项，对分配到同一簇的节点之间较大的距离进行惩罚，从而促使模型将图距离较小的节点归为一组。损失函数 $\mathcal{L}_p$ 如下所示：

$$\mathcal{L}_p = \frac{1}{k}\sum_{c=1}^{k}\frac{\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n}\mathcal{P}_{i,c}\mathcal{P}_{j,c}M_{ij}}{\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n}\mathcal{P}_{i,c}\mathcal{P}_{j,c}} \tag{4}$$

图拉普拉斯矩阵简洁地表示了网络连通性，其零特征值的重数对应于连通分量的数量。由于直接计算零特征值的数量不可微，我们转而最小化第二小特征值，以促使每个簇形成一个连通分量。然而，在实际应用中，这一目标函数表现不稳定，并可能导致训练过程中出现梯度消失。为解决这一问题，我们引入一种松弛方法，通过最大化每个簇的拉普拉斯矩阵行列式，为约束拓扑连续性提供一种更平滑、数值稳定性更高的替代指标：

$$\mathcal{L}_{\text{det}} = -\log\det(\mathcal{P}^\top\Theta\mathcal{P} + J) \tag{5}$$

其中 $\Theta = \hat{D} - \hat{\mathbf{A}}$ 是 GyralNet 的图拉普拉斯矩阵，且 $J = {}^{1}{}_{k}\mathbf{1}_{k}\mathbf{1}_{k}^{\top}$。通过这两项，我们确保全局拓扑连续性和簇内结构同态。

确保同一社区内的节点呈现同质特征，而不同社区中的节点呈现异质特征，这对于有意义的子网络划分至关重要。图聚类中常采用对比学习，以确保同一簇内节点表示的一致性 [59, 63, 64]。基于皮层分区的解剖先验，我们假设位于相邻皮层区域的 3HG 应具有相似的嵌入特征。为将其形式化，我们定义一个二值矩阵 $C \in \{0,1\}^{n\times n}$，使得 $C_{ij} = 1$，当节点 i 和节点 j 构成正样本对（表示区域邻接且特征相似）时；否则 $C_{ij} = 0$。根据节点嵌入 $\mathbf{Z} \in \mathbb{R}^{n\times d}$，得到节点相似度矩阵 $S = \mathbf{z}\mathbf{z}_{\tau}^{\top} \in \mathbb{R}^{n\times n}$，其中 τ 为温度超参数。我们采用 InfoNCE [65, 66]风格的损失函数，鼓励预先定义为相似的节点在潜在空间中具有相似的嵌入：

$$\mathcal{L}_c = \frac{1}{\sum_i \mathbb{1}_{|\Omega(i)|>0}} \sum_{i=1}^{N} \mathbb{1}_{|\Omega(i)|>0} \cdot -\log\left(\frac{\sum_{j\in\Omega(i)} \exp(S_{ij})}{\sum_{k=1}^{n} \exp(S_{ik})}\right) \tag{6}$$

其中，$\Omega(i) = \{j | C_{ij} = 1\}$ 是锚点i的正节点集合。整体学习目标 e
用于 3HG 聚类的表达式为：

$$\mathcal{L}_{total} = \mathcal{L}_m + \alpha\mathcal{L}_p + \beta\mathcal{L}_{\text{det}} + \gamma\mathcal{L}_c \tag{7}$$

其中，α、β 和 γ 是分别用于权衡各损失函数的超参数。需要指出的是，我们基于图神经网络的聚类方法针对单个受试者进行。对于给定受试者的每个大脑皮层半球，算法会在 GyralNet 上迭代地对 3HG 进行分组，直至损失函数收敛，并将所得分配结果作为最终聚类。由于不同个体的皮层折叠模式各不相同，因此会针对每位受试者的每个大脑半球从头训练一个独立模型。

2.4. 连通性约束拓扑细化：皮层簇

初始聚类结果可能包含空间不连续、区域不连通或细小碎片斑块等伪影。为解决这些问题，我们采用拓扑细化流程，以确保簇内连通性并平滑簇边界。具体而言，我们会识别每个簇中的非连通分量，并根据最小割准则将其合并到相邻的主要簇中，或重新赋予标签。此细化步骤可确保生成的皮层分区在解剖学上合理，并适用于后续分析。算法1给出了连通性约束细化步骤的伪代码。

我们的细化策略包括以下步骤：1）首先，对于每个簇，如果其并非完全连通，算法将保留最大的连通分量，并将其余分量标记为待重新分配。如果在任何簇中都未检测到额外的连通分量，且非孤立簇的数量仍低于预设值k，算法将选取当前最大的簇，根据该簇对应子图上的节点嵌入构建加权图，图中边的权重等于两个节点的节点嵌入之间的余弦相似度，即 对于节点i 和节点j，它们之间的边权重为 $1 - cos(\mathbf{Z}_i, \mathbf{Z}_j)$。随后，我们对该簇应用谱聚类方法，即归一化割谱聚类算法 [67] ，将其拆分为两个连通子簇；与其他聚类方法相比，该算法对离群点具有鲁棒性，且性能良好 [68]。2）之后，策略进入迭代校正阶段：在每次迭代中，对于每个仅有一个邻居的非孤立节点，如果

其唯一邻居所属的簇与自身不同，则将该节点并入邻居所在的簇，以消除单个节点被分散在不同簇中的情况；同时，对于仍包含多个连通分量的簇，通过考察分量节点的外部邻居与分量节点之间的节点嵌入相似度，将这些分量作为整体重新分配给最优候选簇。持续迭代，直至簇标签稳定后，即可得到细化后的最终簇分配结果。

算法1： 皮层表面簇的连通性约束细化

输入： 软聚类分配 $\mathcal{P} \in \mathbb{R}^{n\times K}$；表面图邻接关系 A；节点特征 $\mathbf{Z}$；
目标簇数量 K。
输出： 最终硬标签 $\Omega \in \{0,\dots,K-1\}^n$。
初始化。
根据 A构建图 G；通过 $\Omega_i = \arg\max_j \mathcal{P}_{ij}$ 初始化硬标签；标记孤立具有 $\Omega_i = -1$ 的顶点。
强制簇数量。
当有效簇的数量 $< K$ **时**
  对每个标签 q**执行**
    识别$G[q]$ 的连通分量；
    如果 存在多个分量**则**
      为一个分量分配新标签并继续；
  选择最大的簇 $q^\star$；
  使用特征 $\mathbf{Z}$，对$G[q^\star]$ 进行谱二分；
  为较小的划分分配新标签。
连通性细化。
重复
  对每个顶点 i**执行**
    如果i 是叶节点且$\Omega_i \neq \Omega_{nbr(i)}$ **则**
      将邻居标签传播到i；
  对每个簇 q**执行**
    提取$G[q]$的连通分量；
    对每个非主导分量 Q **执行**
      根据以下条件选择最佳目标簇 $q^\star$
        (i) 边界边密度和 (ii) 平均余弦相似度；
      将Q 中的所有节点重新分配到$q^\star$。
直到 收敛；
最后一步。
将簇索引规范化为 $\{0,。\ \dots,K-1\}$。

2.5. 通过形态—几何联合匹配构建 *3HG* 簇的跨被试对应关系

设每个受试者的大脑半球均包含由我们的处理流程检测到的K 个3HG。对于给定的受试者，用 $\{\Omega_i\}_{i=1}^K$ 表示单位球面 $\mathbb{S}^2$ 上的簇集合，用$\mathbf{u}_p \in \mathbb{S}^2$ 表示球面坐标，用$\mathbf{f}_p \in \mathbb{R}^F$ 表示顶点p处的多模态形态特征向量（包括根据白质表面计算得出的曲率、脑沟深度和表面积），分别为——

对于每个簇Ω_i，将其扩展为球面网格上的拓扑k环邻域 $\mathcal{N}^{(k)}{}_i$，以稳健地表示局部形态，而不依赖单个顶点；然后从中均匀抽样，最多选取M 个顶点。由此，每个簇得到两组数据：

$$\mathbf{U}_i = \{\mathbf{u}_p\}_{p\in\mathcal{N}_i^{(k)}}, \qquad \mathbf{F}_i = \{\mathbf{f}_p\}_{p\in\mathcal{N}_i^{(k)}}. \tag{8}$$

我们通过比较支撑在经验特征分布上的距离来比较簇，而非使用简单的汇总统计量，其中$\mathbf{F}_i$。具体而言，对于两个受试者a 和b，以及簇i 和j，我们定义

$$D_{\text{feat}}(i,j) \;=\; \mathrm{SW}_\varepsilon(\hat{P}_i^{(a)}, \hat{P}_j^{(b)}) \quad \text{with} \quad \hat{P}_i^{(\cdot)} = \frac{1}{|\mathbf{F}_i|}\sum_{\mathbf{f}\in\mathbf{F}_i}\delta_{\mathbf{f}} \tag{9}$$

其中SW_ε 是在特征空间中采用平方欧几里得地面代价计算的熵正则化 2-Wasserstein 距离。我们采用经过稳定化处理的 Sinkhorn 求解器，对代价进行中位数缩放，并使用固定的停止容差，以确保不同大小的簇之间数值稳定性。该构造能够以统一的方式自然处理单顶点簇和多顶点簇。除了特征相似性，我们还进一步对 $\mathbb{S}^2$ 上 3HG 簇的相对几何构型进行编码。令$\mathbf{U}_i^{3HG} = \{\mathbf{u}^p\}_{p\in\Omega^{(k)}{}_i} \subset \mathbb{S}^2$ 表示簇i中 3HG 的单位向量。簇级几何差异通过基于大圆度量计算的球面 Chamfer 距离进行量化：

$$D_{\text{geo}}(i,j) = \frac{1}{|\mathbf{U}_i^{\text{3HG}}|}\sum_{\mathbf{u}\in\mathbf{U}_i^{\text{3HG}}}\min_{\mathbf{v}\in\mathbf{U}_j^{\text{3HG}}} d_{\mathbb{S}^2}(\mathbf{u},\mathbf{v}) \;+\; \frac{1}{|\mathbf{U}_j^{\text{3HG}}|}\sum_{\mathbf{v}\in\mathbf{U}_j^{\text{3HG}}}\min_{\mathbf{u}\in\mathbf{U}_i^{\text{3HG}}} d_{\mathbb{S}^2}(\mathbf{u},\mathbf{v}) \tag{10}$$

其中$d_{\mathbb{S}^2}$ 表示大圆距离。我们还可以选择应用质心测地线阈值 θ_g，以筛除不合理的簇对；对于质心距离超过θ_g的簇对，则赋予较大的惩罚。

为缓解高度褶皱皮层区域中的失配，基于球面质心（$\mathbf{U}_i$ 在 $\mathbb{S}^2$上的均值）引入两个簇级正则项：局部密度失配和k-近邻上下文失配。令 ρ_i 表示基于k_{den} 个最近质心计算的高斯核密度估计，其带宽为 σ_{den} 度；令 $\boldsymbol{\nu}_i \in \mathbb{R}^{k_{\text{ctx}}}$ 表示到k_{ctx} 个最近质心的测地线距离构成的排序向量。定义如下：

$$D_{\text{dens}}(i,j) = |\rho_i - \rho_j|, \qquad D_{\text{ctx}}(i,j) = \left\|\boldsymbol{\nu}_i - \boldsymbol{\nu}_j\right\|_2 \tag{11}$$

对于两个受试者a和b，总对应代价综合了形态、几何和上下文分量：

$$C_{ij} \;=\; \lambda_{geo}\, D_{\text{geo}}(i,j) \;+\; \lambda_{feat}\, D_{\text{feat}}(i,j) \;+\; \lambda_{dens}\, D_{\text{dens}}(i,j) \;+\; \lambda_{ctx}\, D_{\text{ctx}}(i,j) \tag{12}$$

其中权重 λ_{geo}、λ_{feat}、λ_{dens}、λ_{ctx}均为非负数。随后，我们求解线性分配问题：

$$\min_{P\in\{0,1\}^{K\times K}} \langle C, P\rangle \quad \text{s.t.} \quad P\mathbf{1} = \mathbf{1},\;\; P^\top\mathbf{1} = \mathbf{1} \tag{13}$$

通过匈牙利算法获得K 个簇之间的双射 $\pi : P_{i\pi(i)} = 1$。由此得到的跨受试者一对一对应关系同时符合局部形态和球面几何特征，并通过区域拥挤度和邻域上下文进行正则化。对于一个队列，我们固定一名受试者作为模板，并计算该受试者与

锚定受试者与每名目标受试者之间的上述匹配，从而定义一个全局一致的标签空间，无需进行两两重新匹配。这种基于锚点的策略具有多项实际优势。首先，它降低了计算复杂度：我们无需对队列中的每一对受试者进行两两对齐，只需计算锚定受试者与其他每名受试者之间的映射。其次，它保证了簇标签的全局一致性。锚定受试者的标签一经确定，新增受试者时便无需重新标记。最后，这种方法支持队列的增量扩展。每当有新的个体加入研究，我们只需计算该受试者与锚定受试者之间的单个映射，所有现有对应关系均保持不变。这种设计既简化了纵向研究或多中心研究，也保留了先前建立的簇关系的完整性。

3. 实验与结果

3.1. 数据集设置

为评估我们的框架，我们使用了人类连接组计划 S1200版中 1064 名受试者的 T1加权结构磁共振成像（sMRI）和扩散张量成像（DTI）数据 [69]。sMRI 数据的预处理使用 FMRIB软件库（FSL） [70]和 FreeSurfer [71]完成。简而言之，我们首先通过三次样条插值将三维 T1加权体积重采样至 1 mm 各向同性分辨率。随后进行颅骨去除、灰质（GM）/白质（WM）组织分割以及白质表面重建。在表面重建过程中，灰质与白质之间的界面被建模为三维空间中的三角网格。按照以往方法 [72, 73, 74]，将每名受试者预处理后的皮层表面映射至球面空间，并进一步重采样至标准皮层表面 [71]，；该表面对应于二十面体的第 7 级细分（fsaverage7），每个大脑半球包含 163,842 个顶点。随后，我们应用 [38, 75]中介绍的计算框架提取 GyralNet（脑回折叠组织的全脑表示），并进而识别 3HG。所得 GyralNet 的统计特性总结于表 1。对于 3HG 的皮层分区和感兴趣区域标注，我们采用了 FreeSurfer 提供的 Desikan-Killiany（DK）图谱 [16] 和 Destrieux图谱 [11, 17] 。使用 FSL 对 DTI 数据进行涡流校正，并使用 DSI Studio [76]进行纤维追踪。将 sMRI 数据配准至 DTI 空间后，计算重建白质表面上每个 3HG 的迹图描述符和结构相似性。

表1：1,056名人类连接组计划受试者各大脑半球的GyralNet图汇总统计量。

指标	左半球		右半球		合并均值 ±标准差
	范围	均值 ±标准差	范围	均值 ± 标准差	
节点数	[108, 222]	158.97 ± 18.48	[112, 233]	158.96 ± 18.21	158.96 ± 18.35
边数	[149, 315]	224.35 ± 18.71	[153, 335]	224.80 ± 18.64	224.57 ± 18.68
度为1的节点	[0, 7]	0.95 ± 0.96	[0, 5]	0.85 ± 0.88	0.90 ± 0.92
度为2的节点	[10, 47]	26.32 ± 5.86	[11, 43]	25.61 ± 5.73	25.96 ± 5.81
度为3的节点	[83, 185]	131.50 ± 16.92	[84, 204]	132.31 ± 16.70	131.91 ± 16.82
节点总数		167,872		167,860	335,732
边总数		236,916		237,384	474,300

表 2：所提出的框架与基线方法的聚类性能比较。聚类特征包括拓扑上下文（$\mathcal{T}$）和结构纤维连接模式（$\mathcal{C}$），并分别评估其联合使用和单独使用的效果。性能通过四项指标量化：全局传导率（COND）、覆盖率（COV）、扩散率（DR）和模块度（MOD）。

方法		Destrieux图谱				Desikan-Killiany 图谱			
特征	模型	COND↓	COV↑	DR↓	MOD↑	COND↓	COV↑	DR↓	MOD↑
$\mathcal{T}+\mathcal{C}$	Ours	0.581	**0.572**	24.93	**0.543**	**0.522**	**0.683**	**25.50**	0.521
	DiffPool	0.673	0.524	26.22	0.540	0.670	0.562	25.78	**0.546**
	DeepWalk	**0.573**	0.563	29.47	0.487	0.531	0.605	27.83	0.482
	DMoN	0.591	0.568	**22.28**	0.539	0.558	0.551	26.55	0.501
$\mathcal{T}$ 仅	Ours	0.582	0.483	27.33	0.445	0.679	0.581	26.54	0.487
	DiffPool	0.609	0.531	28.06	0.470	0.651	0.559	26.38	0.542
	DeepWalk	0.599	0.541	25.89	0.481	0.631	0.562	26.13	0.498
	DMoN	0.590	0.539	26.01	0.500	0.551	0.590	27.11	0.516
$\mathcal{C}$ 仅	Ours	0.655	0.510	25.25	0.498	0.655	0.510	26.25	0.498
	DiffPool	0.632	0.533	26.11	0.527	0.632	0.533	26.11	0.527
	DeepWalk	0.604	0.527	28.69	0.522	0.604	0.527	28.69	0.522
	DMoN	0.598	0.506	25.33	0.519	0.598	0.506	26.33	0.519

3.2. 实现细节

为计算每个 3HG 的迹图描述符，我们首先提取所有穿过相应顶点的纤维丛。随后，使用长度为 8、步长为 4 的滑动窗口，将每条纤维划分为相互重叠的线段。对于每段线段，我们估计其主方向，并将该方向向量投影至单位球面。通过统计方向向量落入球面上均匀划分的 144 个区域中的比例，得到该点的迹图描述符。在 [53], 中，每个 3HG 的结构相似性表示为分层多跳特征集，用于编码其拓扑剖面。由于本研究只需要简单的拓扑概述，无需高维层级结构，因此我们将其限制为一跳结构相似性，从而降低特征复杂度。该拓扑剖面的维度与用于 3HG 感兴趣区域标注的图谱中的区域数量一致。因此，对于一个大脑皮层半球上的n 个 3HG，组合后的双轮廓特征矩阵$\mathbf{X}$ 的维度为$n\times(144+b)$，其中b 表示给定图谱在一个大脑半球中的脑区数量。图卷积网络模型从头开始训练，采用两个图卷积层，中间由一个 256 维表示层连接，并使用 SeLU [77]作为激活函数。节点嵌入的维度r设为图谱中大脑半球的数量，即*i.e.* b。每个大脑半球最多训练 1,500 次迭代；当最近 20 次迭代的损失标准差低于 1×10^{-3}时提前终止训练。训练期间，公式 7 中的超参数 α、 β 和 γ 分别设为 1、0.1 和 0.1。对于 JMGM，经全面网格搜索后，公式 12 中的权重 λ_{geo}、 λ_{feat}、 λ_{dens}和 λ_{ctx}分别设为 0.3、0.7、0.2 和 0.2。所有模型均使用 PyTorch 实现，实验在配备 NVIDIA RTX 6000 Ada GPU 和 3.6 GHz 英特尔处理器的工作站上进行。所有实验结果均基于包含 48 个簇的设置k = 48获得。关于k 取值的实验见第 3.5.3 节。

3.3. 受试者内*3HG*聚类性能评估

为评估所提出的框架的聚类性能，我们将我们的方法与三个基线方法进行比较：

• **DeepWalk** [78] 代表一种朴素策略，即收集节点特征以学习图的节点嵌入。随后，使用经典的 k-means算法，通过 Lloyd过程进行聚类 [79] ，并采用 k-means++ 初始化 [80]。

• **DMoN** [57]是一种近期提出的无监督GNN聚类方法，通过优化可微模块度启发式目标函数，为属性图推导软聚类分配。

•**DiffPool** [81] 是一种层次化图池化方法，它学习可微的软分配矩阵，以跨层将节点分组为簇，从而在GNN框架中生成粗化图表示。

此外，为验证所提出的双剖面特征表示的有效性，我们分别报告了仅采用拓扑上下文（$\mathcal{T}$）和结构纤维连接模式（$\mathcal{C}$）的结果。为评估聚类性能，采用了四项互补的基于网络的指标：全局传导率（COND）、覆盖率（COV）、扩散率（DR）和模块度（MOD）。这些指标共同刻画了GyralNet内部网络整合与分离之间的平衡。COND指标通过衡量共享相似脑回折叠特征的顶点在各簇内的整合程度，以及各簇与网络其余部分的隔离程度，量化簇内信息流的效率。较低的COND值表明更强的簇内同质性和更高的形态学一致性，反映出共享相似脑回折叠特征的顶点具有更好的局部整合。

如表 2 所示，我们报告了采用基于 DK图谱和 Destrieux图谱的解剖位置编码作为聚类拓扑特征时的结果。需要注意的是，由于图谱信息仅用于拓扑上下文，因此仅使用结构连接剖面（$\mathcal{C}$ 仅）时，两个图谱的结果相同。与基线模型相比，我们的方法在 Destrieux图谱和 DK图谱上均表现出更低的 COND 和 DR 值，以及更高的 COV 分数。采用组合特征（$\mathcal{T}+\mathcal{C}$）所得的结果总体上在所有设置中表现最佳。对于 Destrieux图谱，我们的方法取得了最低的 COND 和 DR，以及最高的 COV 和 MOD；DK图谱也呈现出类似趋势。仅使用拓扑特征或连接特征时，与组合特征设置相比，所有方法的性能均有所下降。

在图 3 中，我们绘制了所提方法使用 Destrieux图谱和 DK图谱时的聚类耗时直方图，并分别展示左半球、右半球及二者的平均值。不同图谱的分布模式相似，大多数聚类运行耗时集中在 40 s 至 60 s 之间。为评估 3HG簇的解剖一致性，我们将其经典皮层形态测量的区域内方差与基于图谱的感兴趣区分割结果进行了比较。结果如图 4 所示，在全部四种特征上，子网络的形态测量方差始终显著低于感兴趣区域，这表明我们的分割能够产生更均一且在解剖学上有意义的区域。

*3.4. 3HG*簇跨受试者对应关系的评估

本节评估所提出的 JMGM 策略在建立跨受试者 3HG 对应关系方面的性能。遵循先前工作中的评估方案 [53],，我们采用 ROI 命中率作为对齐准确率的衡量指标。我们采用基于脑回-脑沟的图谱 [11]进行感兴趣区域划分。我们将所提出的 JMGM 与此前由本团队提出的三种

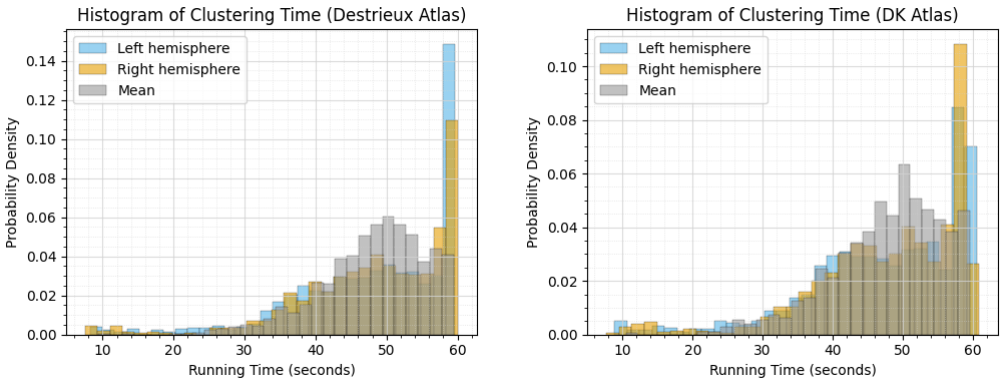


图 3：采用 Destrieux（左）和 DK（右）图谱时，所提方法的聚类时间直方图，分别展示左半球、右半球及两者的平均值。

皮层折叠对应方法，以及一种经典的基于配准的方法——迭代最近点（ICP） [82], 进行比较。迭代最近点是应用最广泛的点云对齐算法之一：

- **Cortex2vec** [46] 是一种基于学习的嵌入框架，可将皮层折叠模式编码为解剖学上有意义的潜在向量。它通过将局部皮层标志点映射到共享表示空间，同时捕捉个体差异和群体层面的规律。对于跨被试对应关系，每个簇由其包含的 3HG 的平均嵌入表示，并通过余弦相似度计算这些平均表示之间的簇间相似度。

- **CortexSSE** [53] 是 Cortex2vec 的扩展，通过选择性重建损失改进局部拓扑结构的表示，并增强嵌入的鲁棒性。对应关系的构建过程与 Cortex2vec 相同，区别仅在于使用了经过结构增强的嵌入。

- **GyralParti** [56] 使用定位描述符表示 GyralNet 中每个由 3HG 构成的子网络，并通过余弦相似度和匈牙利指派算法建立跨受试者的簇间对应关系。

- **ICP** [82] 作为一种基于几何的基线方法，通过在膨胀后的球面上进行迭代刚性配准来建立对应关系。每个 3HG 簇均由其在 $\mathbb{S}^2$ 上的质心表示，并通过最小化匹配质心之间的测地线距离来计算对应关系。通过迭代更新不断优化变换，直至收敛，从而得到完全由几何驱动的映射，而不纳入形态或上下文信息。

如表3所示，我们随机选取10名受试者作为锚定受试者来构建对应关系，并报告使用源自Destrieux和DK图谱的独热特征嵌入时，不同聚类方法的跨受试者对应关系平均ROI命中率。所提出的JMGM在Destrieux

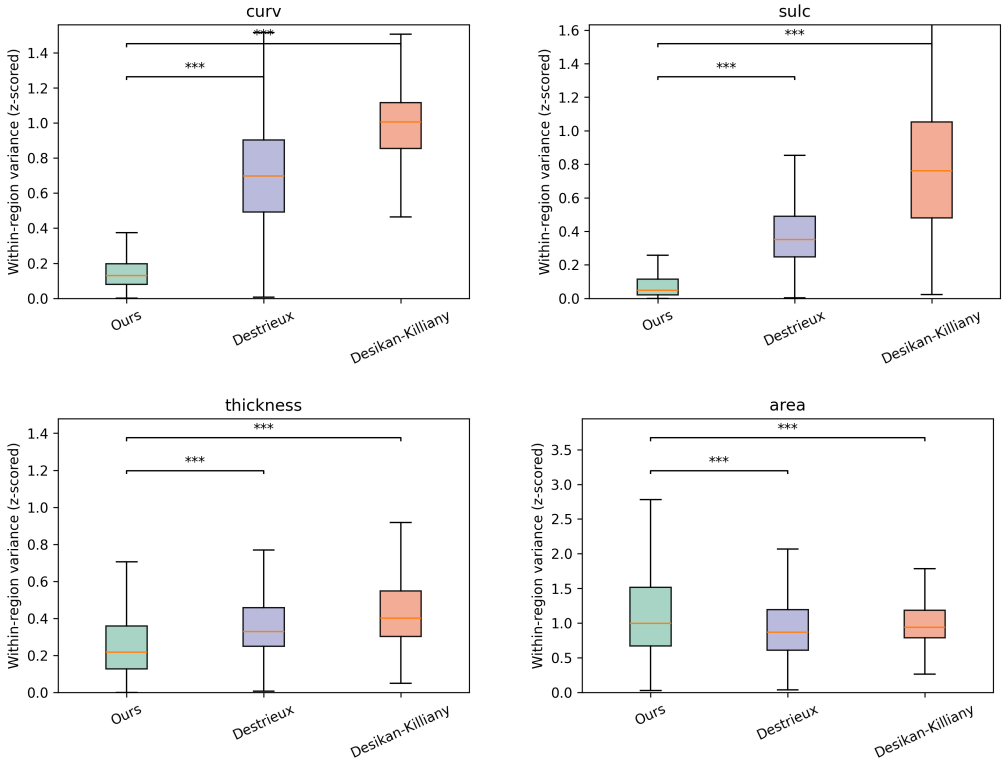


图4：箱线图展示了 z分数归一化后，所提出的 GyralNet 簇、Destrieux图谱和 DK图谱的皮层特征区域内方差。与曲率、脑沟深度、厚度和面积相关的 GyralNet 子网络均表现出较低的方差。这表明，与传统解剖图谱相比，所提出的框架能够生成更均一的区域。显著性标记（***）表示基于曼-惠特尼U检验得出的统计学差异（$p < 0.001$）。

和DK图谱上均始终取得最高的ROI命中率。在Destrieux图谱中，JMGM在左半球的命中率达到0.807 ± 0.04，在右半球达到0.797 ± 0.04，平均为0.802 ± 0.03，优于所有基线方法。Desikan–Killiany图谱也呈现出类似趋势，JMGM的命中率分别达到0.789±0.07、0.841 ± 0.06和0.815 ± 0.04。在各基线方法中，GyralParti和ICP的准确率相对较高，而Cortex2Vec和CortexSSE的整体表现较低。两种图谱上持续取得的提升表明，JMGM能够提供更可靠且符合解剖学特征的跨受试者对应关系。图5展示了使用Destrieux图谱获得的跨受试者对应关系定性结果。可视化的簇在不同受试者间呈现出一致的空间定位，表明JMGM在群体层面保留了符合解剖学特征的3HG模式。

3.5. 消融研究

3.5.1. 超参数敏感性

图6报告了对应代价中的每个加权系数独立变化时的ROI命中率。对于 λ_{geo}和 $\lambda_{特征}$，命中率先上升，随后趋于稳定，或在较高取值时略有下降。相比之下，变化 λ_{dens} 和 λ_{ctx} 会产生更为单调的

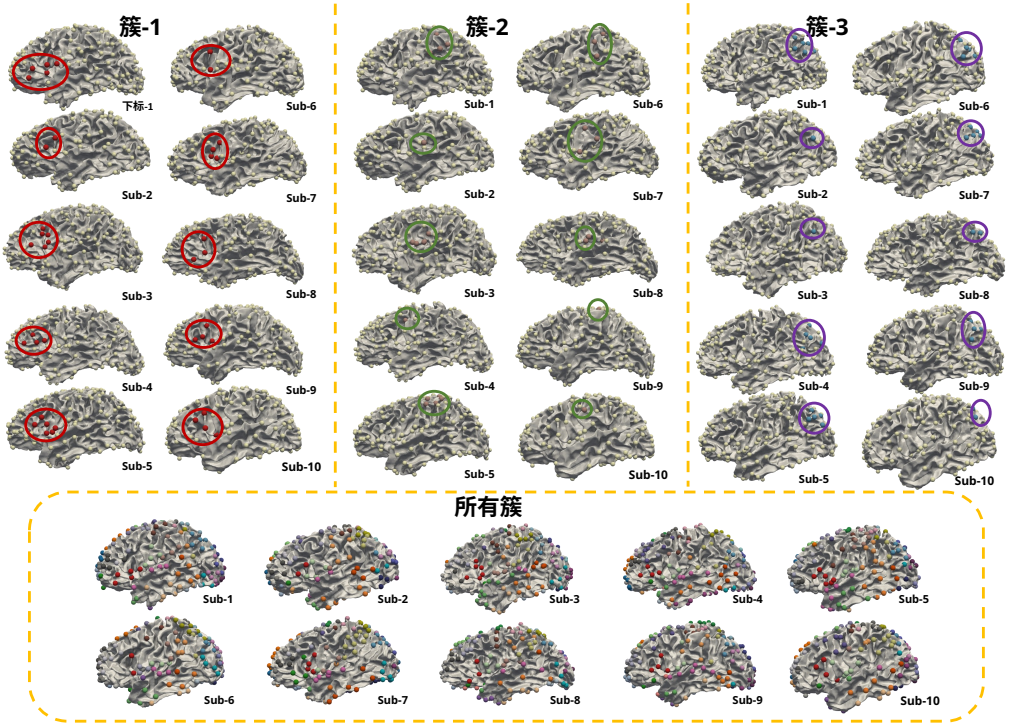


图5：使用 De- strieux 图谱，通过所提出的 JMGM 建立的跨受试者对应关系的定性可视化。图中展示了十位受试者的三个代表性簇（簇-1、簇-2 和簇-3），分别以红色、绿色和紫色突出显示一致的脑回模式。底部面板展示了每位受试者识别出的全部 3HG 簇，表明不同个体之间存在稳定且符合解剖结构的对应关系。

下降，且峰值出现在较低的参数值处。所有四个面板中的曲线变化平滑，变异带相对较窄，表明各受试者之间的表现一致。

3.5.2. 聚类损失分量与拓扑细化的消融分析

表4总结了消融分析，用于评估各个损失分量和拓扑细化步骤的作用。评估依据是四种形态测量特征的区域内方差。移除任一损失项都会导致大多数特征的方差增大，表明簇内同质性降低。对于曲率和脑沟深度，完整模型在所有配置中方差最低。对于厚度和面积，不同设置之间的差异较小，且未进行细化的变体方差略低于完整模型。总体而言，完整方案在各项特征上始终表现出有竞争力或最佳的性能，表明每个损失分量都有助于实现稳定的簇形成。值得注意的是，曲率的区域间变异高于其他表面特征，这符合预期，因为曲率本身具有较高的频率特性。我们的z分数归一化是在每位受试者的顶点级进行的；因此，各特征的绝对方差大小有所不同，但不同方法之间的比较仍然有效。

表3：基于 Destrieux图谱和 Desikan–Killiany图谱生成的独热特征嵌入，采用不同聚类方法进行跨被试对应关系分析所得的 ROI命中率（均值±标准差）。结果分别报告左、右大脑半球及其平均值。所提出的 JMGM 在两种特征来源下均取得最高的对应准确率。

方法	Destrieux图谱			Desikan-Killiany 图谱		
	左半球	右半球	平均	左半球	右半球	平均
Cortex2Vec [46]	0.546±0.02	0.572±0.03	0.559±0.02	0.576±0.04	0.590±0.03	0.584±0.04
CortexSSE [53]	0.603±0.03	0.579±0.05	0.590±0.04	0.595±0.03	0.612±0.03	0.604±0.03
GyralParti [56]	0.747±0.06	0.687±0.07	0.717±0.04	0.781±0.04	0.756±0.04	0.769±0.03
ICP [82]	0.735±0.06	0.687±0.07	0.711±0.04	0.770±0.07	0.817±0.06	0.793±0.05
JMGM (我们的方法)	**0.807±0.04**	**0.797±0.04**	**0.802±0.03**	**0.789±0.07**	**0.841±0.06**	**0.815±0.04**

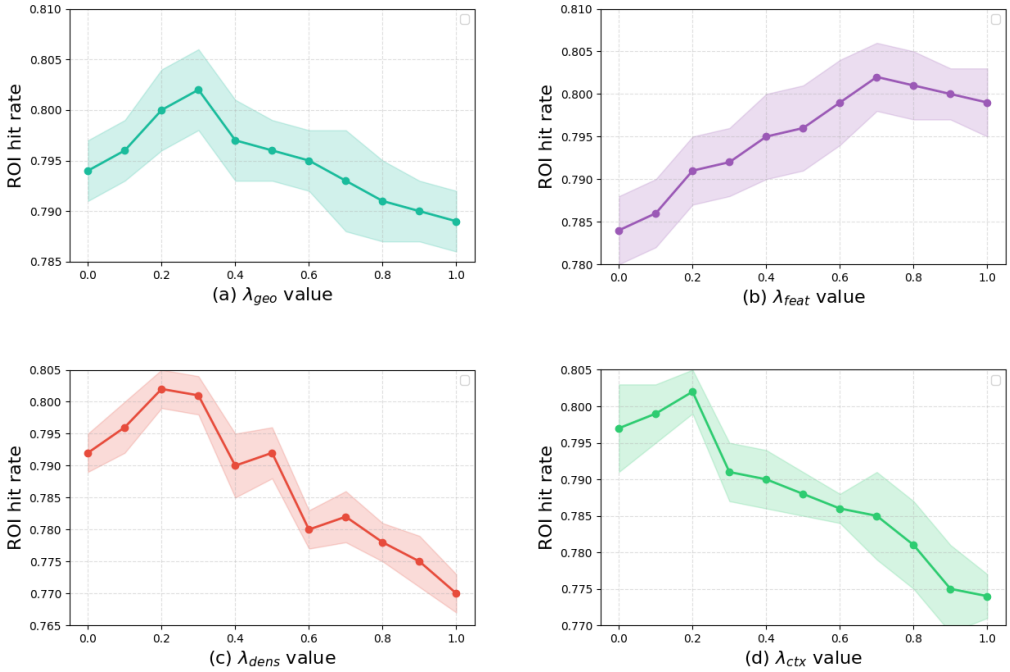


图6：对应代价中四个加权系数的敏感性分析。各面板在其余系数保持固定的情况下，报告ROI命中率随单一参数的变化：(a) 几何差异权重 λ_{geo}，(b) 特征相似度权重 λ_{feat}，(c) 局部密度失配权重 λ_{dens}，以及(d)k-NN上下文失配权重 λ_{ctx}。阴影区域表示受试者间的标准差。

3.5.3. 评估并选择聚类的最佳k

确定最佳簇数k，是确保所得皮层折叠模式的对应关系在解剖学上有意义且在不同受试者间保持一致的关键步骤。在本研究中，我们系统地评估了k 的不同候选值，以平衡脑回折叠模式过度划分与划分不足之间的权衡。为定量评估聚类结果的解剖一致性和拓扑稳定性，我们使用第3.3节所述的四种聚类指标，对不同候选簇数下的所有方法进行评估

表4：聚类损失分量和拓扑细化的消融分析，使用区域内方差（均值 ± 标准差）进行报告。

	Curv	Sulc	厚度	Area
不含 $\mathcal{L}_p$	0.171 ± 1.307	0.095 ± 0.093	0.473 ± 0.195	1.207 ± 0.801
不含 $\mathcal{L}_{det}$	0.175 ± 1.321	0.092 ± 0.099	0.462 ± 0.246	1.201 ± 0.793
不含 $\mathcal{L}_c$	0.167 ± 1.179	0.089 ± 0.101	0.457 ± 0.208	1.199 ± 0.684
无细化	0.176 ± 1.305	0.094 ± 0.103	**0.276 ± 0.301**	**1.066 ± 0.747**
Ours	**0.161 ± 1.299**	**0.088 ± 0.104**	0.452 ± 0.215	1.196 ± 0.780

簇数（k = 16˜72）。如图7所示，这四项度量呈现出一致的趋势

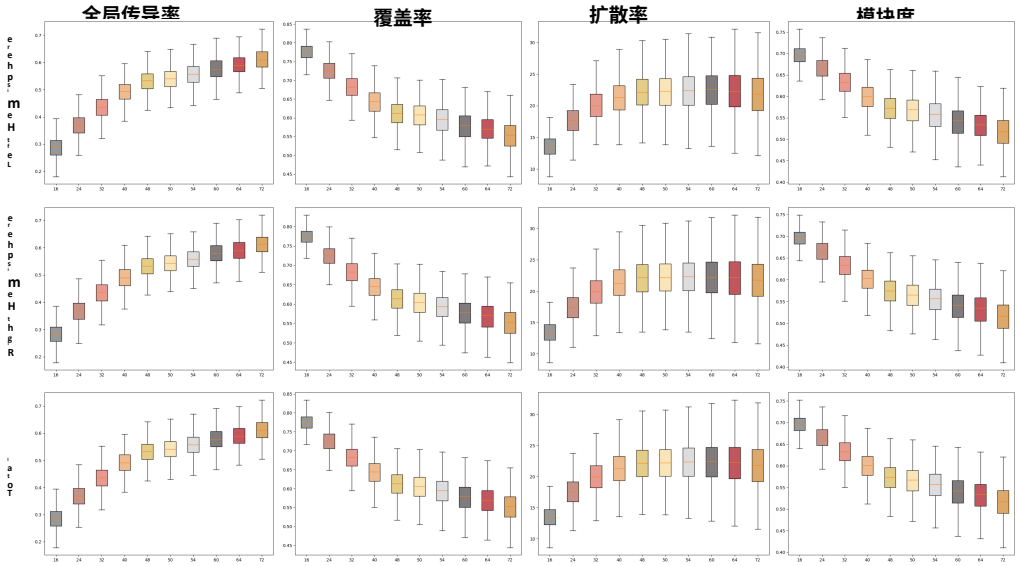


图7：两个大脑半球在不同簇数k 下的四项网络度量分布。

在两个大脑半球的一系列k 取值范围内。COND随更大的k逐渐升高，表明共享相似双剖面特征的3HG的簇内整合日益紧密。相比之下，当k > 48时，COV与MOD均开始下降，提示过度分割已开始破坏皮层脑回网络固有的模块化架构，且这种下降反映了解剖学上有意义的3HG社区被拆分为更小、连贯性更低的亚单元。DR在k = 48附近达到平台期，意味着聚类邻接图的谱嵌入已捕捉到脑回组织的关键大尺度拓扑，进一步增加簇数量几乎不会带来额外的拓扑收益。重要的是，这些拐点在左、右大脑半球之间一致，支持聚类过程的半球对称性与稳定性。COND的同步上升、COV与MOD的下降，以及DR在k = 48 附近进入平台，标志着一种最优折中：在该分辨率下，簇的数量足以捕捉解剖细节，又不至于多到使模块完整性和可解释性下降。在此配置下，谱图神经网络划分出连贯的脑回社区，这些社区在损失项 $\mathcal{L}_p$ 和 $\mathcal{L}_c$的约束下保持空间连续性与特征同质性，同时维持较强的模块化

完整性由 $\mathcal{L}_m$支配。因此，我们选择$k = 48$作为所有后续跨被试对应分析（第3.3节和第3.4节）的最优簇数，从而确保所得脑回社区表示既在解剖学上有意义，又在人群中保持一致。

4. 讨论

在本研究中，我们提出了一种谱图表示学习框架，用于划分脑回折叠社区并建立其跨被试对应关系。在对1,000多名人类连接组计划受试者开展的大量实验中，结果表明，与基于图谱的感兴趣区域以及多种聚类或配准基线方法相比，学习得到的脑回社区具有更高的形态同质性、更强的网络模块化组织，以及更高的对应准确率。下文将讨论这些发现的意义、各模型组件的作用，以及尚存的局限性。

我们的方法主要目标并非生成固定的皮层图谱，而是识别个体特异性脑回地标簇（3HG），并将其映射到一致的对应空间。定量测量结果（图4和表4）显示，与两种广泛使用的解剖图谱相比，所提出的社区在曲率、脑沟深度、厚度和面积方面均持续表现出更低的区域内方差。不同方法在厚度和面积上的方差差异较小，这与这两种指标的空间分布本身较为平滑、对精细尺度脑沟—脑回过渡的敏感性较低相符 [83]。这些低频特征在所有消融配置下仍保持竞争力，这表明我们的聚类主要捕捉由几何形态驱动的边界，同时仍能在传统形态测量模态之间保持一致性。

与 DiffPool、DeepWalk 和 DMoN 的比较（表 2）凸显了同时考虑拓扑上下文与基于连接性的结构特征的必要性。单独使用任一特征都会导致所有网络指标系统性下降，而将二者结合则能形成最连贯的社区结构。这支持这样一种观点：脑回折叠模式由局部几何约束和长程纤维结构共同塑造；这一发现与此前在发育神经解剖学和比较神经解剖学中的观察结果一致 [40]。所提出的基于图卷积网络的聚类方法通过在 GyralNet图上学习平滑嵌入，自然地编码了这两类信息。相较于 DeepWalk 的性能提升进一步凸显了拓扑保持滤波器和非线性特征混合的优势；而相较于 DMoN 的提升则表明，显式建模局部连接性与折叠一致性，比通用的模块度优化目标能够提供更可靠的表征。

选择适当数量的社区一直是皮层分区面临的难题。我们评估的基于网络的指标（图5）呈现出一致且易于解读的趋势：随着簇的凝聚性增强，导通率持续下降，而覆盖率和模块度的增益则逐渐递减，并趋于平稳 > 48。与此同时，扩散率在相同分辨率附近趋于平稳，表明进一步增大k并不能捕捉到更多有意义的拓扑结构。值得注意的是，这些变化趋势在两个大脑半球间相互对应，说明48个簇代表了一种具有生物学合理性的尺度，在这一尺度下，脑回单元既能保持区域内连续性，又具备跨被试可比性。这种对称性进一步有力地表明，基于3HG构建的GyralNet图包含可重复的大尺度组织结构，且并非由半球特异性伪影主导。

由于脑回模式存在高度的个体间变异，实现精准的个体间对齐仍是一项重大挑战。在所有比较中，所提出的JMGM均取得了最高的ROI命中率（表3），优于仅采用几何信息的ICP，以及Cortex2Vec、CortexSSE和GyralParti等基于嵌入的基线方法。仅几何配准难以处理形状相似但拓扑排列不同的模式，而仅嵌入方法则难以区分细微的几何差异。JMGM融合了几何差异、特征相似性、局部密度和上下文邻域，能够同时捕捉局部折叠特征及其解剖学周边结构。定性结果（图5）进一步证实，即使折叠模式存在显著的被试间偏移，对应关系仍能保留稳定的簇身份。在两个图谱上均表现出的稳健性表明，该方法在解耦局部脑回结构时并不依赖于特定的ROI定义。

如图6所示，对四个加权系数的敏感性分析，为我们对应关系代价函数构造中固有的权衡提供了重要认识。如图所示，ROI命中率在 λ_{geo} 和 $\lambda_{\text{特征}}$ 取中间值（约0.2–0.6）时达到峰值，表明几何布局与特征相似性的均衡贡献对于最大化对齐准确率至关重要。对其中任一项过度加权往往会降低性能，推测是因为过度强调几何会迫使匹配忽略形态测量一致性，而过度强调特征则可能导致几何上不合理的对应关系。相比之下，增大 λ_{dens} 或 λ_{ctx} 会导致ROI命中率单调下降，提示局部密度或邻域结构带来的过度正则化会过度约束匹配过程。当这些上下文项占主导时，模型便失去适应皮层折叠中真实个体间变异所需的灵活性，最终损害对应准确率。这些模式符合建模中的一般原则：过强的正则化往往导致欠拟合，而均衡加权能更好地保留关键的生物学变异 [84]。从实践角度看，我们的结果表明，后续实验所选的加权方案接近经验上的最优区间。与此同时，敏感性曲线也警示不宜对密度或上下文分量施加激进的正则化，尤其是在个体间形态变异较大的队列中。面向未来工作，采用自适应或数据驱动机制来确定这些权重，例如受试者特异性正则化方案或经交叉验证的模型选择，或可提供一种有原则的途径，在保持解剖学合理性的同时进一步提高对应准确率。

表4中的消融分析揭示了各损失项和拓扑细化步骤如何影响脑回标志的聚类。移除任一单独的损失分量都会导致簇内方差出现可测量的增加，其中曲率和脑沟深度的影响最为显著，这反映了它们与局部折叠几何之间的密切关联。值得注意的是，细化阶段通过强制维持几何连续性，有效稳定了高频折叠特征；但对于厚度或表面积，它并不会带来一致的方差降低，这与二者对精细尺度折叠结构较低的敏感性一致。这一现象与我们的观点相符，即本方法作用于个体特异性折叠标志点层级，而非宏观区域分区：细化过程强化了标志点节点之间的连续性，从而直接提升折叠信号一致性；而全局形态测量指标，即 厚度和面积，则较少受到折叠连续性的严格约束。总之，完整模型的各个组成部分协同作用，实现了稳定且解剖学上有意义的脑回标志聚类，使其适用于个体化脑图谱绘制。

尽管具有这些优势，仍有若干局限性值得讨论。我们的方法仍然依赖于准确的 3HG 检测。早期提取阶段的误差会传递至后续的聚类与对应关系步骤，未来工作或许可以从纳入不确定性中获益

建模，或对脑沟嵴与脑回顶进行多尺度整合。尽管我们展示了较强的形态一致性，但并未进行明确的功能对齐。虽然形态测量一致性令人鼓舞，功能社区的对齐在很大程度上仍未得到探索，而纳入功能性磁共振成像连接或多模态数据可能增强解剖—功能对应关系 [85, 86]。此外，对特征不平衡的潜在敏感性值得关注。尽管 Z 分数标准化缓解了尺度差异，高度各向异性的特征分布或许可以受益于自适应归一化或学习得到的特征重新加权 [87]。最后，尽管在我们的分析中，固定聚类分辨率 $k = 48$ 似乎是合理的，脑的层级组织表明，自适应或层次聚类方案或许能更好地捕捉多尺度皮层发育梯度与连接层级 [88, 89]。

5. 结论

我们提出了一种谱图表示学习框架，通过双剖面特征与图谱聚类对个体脑回折叠模式进行建模。结合联合形态-几何匹配策略，该方法建立了稳定且具有解剖学意义的3HG跨受试者对应关系。在超过1,000名人类连接组计划受试者上的评估表明，与图谱驱动区域以及现有嵌入或配准基线方法相比，所提方法具有更低的形态测量方差、更强的结构组织性以及更高的对应准确率。这些发现表明，基于脑回标志点的建模有潜力支持个体化皮层映射，并提高高分辨率结构分析的可靠性。

CRediT 作者贡献声明

MinhengChen：撰写 – 初稿、可视化、验证、软件、方法、形式分析、数据管理、概念化。**Tong Chen**：撰写 – 审阅与编辑、数据管理。**Yan Zhuang**：撰写 – 审阅与编辑、可视化、软件。**Chao Cao**：撰写 – 审阅与编辑、数据管理。**Jing Zhang**：撰写 – 审阅与编辑。**TianmingLiu**：撰写 – 审阅与编辑、监督。**Lu Zhang**：撰写 – 审阅与编辑、监督、概念化。**Dajiang Zhu**：撰写 – 审阅与编辑、监督、方法、概念化、资源、项目管理、资金获取。

利益冲突声明

作者声明，他们没有已知的可能影响本文所报告工作的竞争性经济利益或个人关系。

关于在稿件准备过程中使用生成式人工智能和人工智能辅助技术的声明

在准备本研究期间，作者使用 ChatGPT 进行语言编辑和润色，以提高内容的清晰度、语法和可读性。使用该工具后，作者根据需要对内容进行了审阅和编辑，并对已发表文章的内容承担全部责任。

致谢

本研究得到国立卫生研究院（R01AG075582 和 R01NS128534）的支持。

数据可用性

本研究使用的所有数据均已公开，代码将在论文获接收后开源。

参考文献

[1] P. Rakic, 《大脑皮质区的指定》, Science 241 (4862) (1988) 170–176。[2] D. C. v. Essen, 《中枢神经系统形态发生与紧凑布线的张力理论》, Nature 385 (6614) (1997) 313–318。[3] Q. Lin, S. Jin, G. Yin, J. Li, U. Asgher, S. Qiu, J. Wang, 《脑回与脑沟的皮层形态学网络存在差异》, Neuroscience Bulletin 41 (1) (2025年) 46–60。[4] P. Hagmann, L. Cammoun, X. Gigandet, R. Meuli, C. J. Honey, V. J. Wedeen, O. Sporns, 《人类大脑皮层结构核心的映射》, PLoS biology 6 (7) (2008) e159。[5] P. M. Thompson, K. M. Hayashi, R. A. Dutton, M.-C. CHIANG, A. D. Leow, E. R. Sowell, G. De Zubicaray, J. T. Becker, O. L. Lopez, H. J. Aizenstein, 等, 《追踪阿尔茨海默病》, Annals of the New York Academy of Sciences 1097 (1) (2007) 183–214。[6] L. G. Apostolova, P. M. Thompson, 《绘制早期阿尔茨海默病和轻度认知障碍中的进行性脑结构改变》, Neuropsychologia 46 (6) (2008) 1597–1612。[7] T. Xie, Y. He, 《利用连接组学绘制阿尔茨海默病脑图谱》, Frontiers in psychiatry 2 (2012) 77。[8] J. H. Callicott, N. F. Ramsey, K. Tallent, A. Bertolino, M. B. Knable, R. Coppola, T. Gold-berg, P. Van Gelderen, V. S. Mattay, J. A. Frank, 等, 《精神病学中的功能磁共振成像脑图谱绘制：以精神分裂症工作记忆研究为例说明方法学问题》, Neuropsychopharmacology 18 (3) (1998) 186–196。[9] K. Hamandi, B. C. Routley, L. Koelewijn, K. D. Singh, 《癫痫无创脑映射：脑磁图的应用》, Journal of Neuroscience Methods 260 (2016) 283–291。[10] B. Fischl, D. H. Salat, E. Busa, M. Albert, M. Dieterich, C. Haselgrove, A. Van Der Kouwe, R. Killiany, D. Kennedy, S. Klaveness, 等, 《全脑分割：对人脑神经解剖结构的自动标注》, Neuron 33 (3) (2002) 341–355。[11] C. Destrieux, B. Fischl, A. Dale, E. Halgren, 《使用标准解剖学命名自动划分人类皮层脑回和脑沟》, Neuroimage 53 (1) (2010) 1–15。

[12] R. C. Craddock, G. A. James, P. E. Holtzheimer III, X. P. Hu, H. S. Mayberg, 《通过空间约束谱聚类生成的全脑 fMRI 图谱》, Human brain mapping 33 (8) (2012) 1914–1928。[13] L. Fan, H. Li, J. Zhuo, Y. Zhang, J. Wang, L. Chen, Z. Yang, C. Chu, S. Xie, A. R. Laird, 等, 《人类脑连接组图谱：基于连接结构的新型脑图谱》, Cerebral cortex 26 (8) (2016) 3508–3526。[14] V. Fonov, A. C. Evans, K. Botteron, C. R. Almli, R. C. McKinstry, D. L. Collins, B. D. C. Group, 等, 《用于儿科研究的无偏适龄平均图谱》, Neuroimage 54 (1) (2011) 313–327。[15] K. J. Friston, J. Ashburner, C. D. Frith, J.-B. Poline, J. D.Heather, R. S. Frackowiak, 《图像的空间配准与归一化》, Human brain mapping 3 (3) (1995) 165–189。[16] R. S. Desikan, F. Ségonne, B. Fischl, B. T. Quinn, B. C. Dickerson, D. Blacker, R. L. Buckner, A. M. Dale, R. P. Maguire, B. T. Hyman, 等, 《一种自动标注系统：将人类大脑皮层 MRI 扫描划分为基于脑回的感兴趣区》, Neuroimage 31 (3) (2006) 968–980。[17] B. Fischl, A. Van Der Kouwe, C. Destrieux, E. Halgren, F. Ségonne, D. H. Salat, E. Busa, L. J. Seidman, J. Goldstein, D. Kennedy, 等, 《人类大脑皮层的自动分区》, Cerebral cortex 14 (1) (2004) 11–22。[18] B. B. Sun, S. J. Loomis, F. Pizzagalli, N. Shatokhina, J. N. Painter, C. N. Foley, M. E. Jensen, D. G. McLaren, S. S. Chintapalli, 等, 《基于英国生物样本库数据的人脑区域性脑沟形态遗传图谱》, Nature Communications 13 (1) (2022年) 6071。[19] S. K. Akula, D. Exposito-Alonso, C. A. Walsh, 《塑造大脑：皮层结构与折叠的出现》, Developmental Cell 58 (24) (2023年) 2836–2849。[20] M. Han, G. Yang, H. Li, S. Zhou, B. Xu, J. Jiang, W. Men, J. Ge, G. Gong, H. Liu, 等, 《基于扩散 MRI 纤维束成像的个体化皮层分区》, Cerebral Cortex 30 (5) (2020年) 3198–3208。[21] D. Wang, R. L. Buckner, M. D. Fox, D. J. Holt, A. J. Holmes, S. Stoecklein, G. Langs, R. Pan, T. Qian, K. Li, 等, 《个体皮层功能网络的分区》, Nature neuroscience 18 (12) (2015年) 1853–1860。[22] T. Blumensath, S. Jbabdi, M. F. Glasser, D. C. Van Essen, K. Ugurbil, T. E. Behrens, S. M. Smith, 《基于静息态 fMRI 对大脑进行空间约束层次分区》, Neuroimage 76 (2013) 313–324。[23] N. Honnorat, T. Satterthwaite, R. Gur, R. Gur, C. Davatzikos, 《sgrasp：一种用于推导个体特异性功能分区的基于图的方法》, Journal of neuro-science methods 277 (2017) 1–20。[24] E. M. Gordon, T. O. Laumann, A. W. Gilmore, D. J. Newbold, D. J. Greene, J. J. Berg, M. Ortega, C. Hoyt-Drazen, C. Gratton, H. Sun, 等, 《个体人脑的精准功能映射》, Neuron 95 (4) (2017) 791–807。23

[25] J. Zhao, C. Tang, J. Nie，基于功能磁共振成像的个体大脑皮层功能分区，Neuroinformatics 18 (2) (2020) 295–306。[26] W. Consagra, M. Cole, X. Qiu, Z. Zhang，脑结构连接的连续无图谱分析，The Annals of Applied Statistics 18 (3) (2024年) 1815–1839。[27] Y. Meng, G. Li, W. Lin, J. H. Gilmore, D. Shen，婴儿深部皮层脑沟标志的空间分布与纵向发育，Neuroimage 100 (2014) 206–218。[28] G. Auzias, L. Brun, C. Deruelle, O. Coulon，深部脑沟标志：脑沟凹定义与提取的算法及概念改进，Neuroimage 111 (2015) 12–25。[29] I. Kaltenmark, C. Deruelle, L. Brun, J. Lefèvre, O. Coulon, G. Auzias，利用脑沟凹标记进行群体水平的皮层表面分区，Medical image analysis 66 (2020年) 101749。[30] S. Zhang, P. Chavoshnejad, X. Li, L. Guo, X. Jiang, J. Han, L. Wang, G. Li, X. Wang, T. Liu 等，脑回峰：发育中猕猴脑中的新型脑回标志，Human Brain Mapping 43 (15) (2022年) 4540–4555。[31] D. Zhu, K. Li, L. Guo, X. Jiang, T. Zhang, D. Zhang, H. Chen, F. Deng, C. Faraco, C. Jin 等，DICCCOL：密集、个体化且共有的基于连接的皮层标志，Cerebral cortex 23 (4) (2013) 786–800。[32] J. Lv, X. Jiang, X. Li, D. Zhu, S. Zhang, S. Zhao, H. Chen, T. Zhang, X. Hu, J. Han 等，功能网络及其相互作用的整体图谱揭示了皮层功能的互惠组织架构，IEEE Transactions on Biomedical Engineering 62 (4) (2014) 1120–1131。[33] X. Jiang, D. Zhu, T. Liu，功能网络及其相互作用的整体图谱（HAFNI），载于：Machine Learning and Medical Imaging，Elsevier，2016，第435–454页。[34] X. Jiang, T. Zhang, D. Zhu, K. Li, H. Chen, J. Lv, X. Hu, J. Han, D. Shen, L. Guo 等，解剖引导的密集个体化且共有的基于连接的皮层标志（A-DICCCOL），IEEE Transactions on Biomedical Engineering 62 (4) (2014) 1108–1119。[35] X. Jiang, X. Zhang, D. Zhu, A. D. N. Initiative，基于阿尔茨海默病神经影像计划数据库、通过稀疏表示进行内在功能成分分析，Brain connectivity 4 (8) (2014) 575–586。[36] T. Zhang, H. Chen, M. J. Razavi, Y. Li, F. Ge, L. Guo, X. Wang, T. Liu，探索人类连接组计划第三季度868名受试者的三铰链脑回折叠模式，Human brain mapping 39 (10) (2018年) 4134–4149。[37] X. Li, H. Chen, T. Zhang, X. Yu, X. Jiang, K. Li, L. Li, M. J. Razavi, X. Wang, X. Hu 等，灵长类脑中普遍保留及物种特异的脑回折叠模式，Brain structure and function 222 (5) (2017) 2127–2141。[38] H. Chen, Y. Li, F. Ge, G. Li, D. Shen, T. Liu，脑回网：一种表征皮层折叠组织的新方法，Medical image analysis 42 (2017) 14–25。

[39] K. Li, L. Guo, G. Li, J. Nie, C. Faraco, G. Cui, Q. Zhao, L. S. Miller, T. Liu，基于表面轮廓分析的脑回折叠模式分析，NeuroImage 52 (4) (2010年) 1202–1214。[40] F. Ge, X. Li, M. J. Razavi, H. Chen, T. Zhang, S. Zhang, L. Guo, X. Hu, X. Wang, T. Liu，更密集的生长纤维连接促成三铰链脑回折叠，Cerebral Cortex 28 (3) (2018年) 1064–1075。[41] T. Zhang, X. Li, X. Jiang, F. Ge, S. Zhang, L. Zhao, H. Liu, Y. Huang, X. Wang, J. Yang 等，皮层三铰链可作为皮层间连接网络中的枢纽，Brain imaging and behavior 14 (6) (2020年) 2512–2529。[42] Z. He, L. Du, Y. Huang, X. Jiang, J. Lv, L. Guo, S. Zhang, T. Zhang，脑回铰链在皮层间网络中具有最高成本和最高通信能力，Cerebral Cortex 32 (16) (2022年) 3359–3376。[43] Y. Lyu, L. Zhang, X. Yu, C. Cao, T. Liu, D. Zhu，利用新型精细尺度脑连接组对轻度认知障碍进行分类，载于：2024年IEEE国际生物医学成像研讨会（ISBI），IEEE，2024年，第1–5页。[44] T. Chen, M. Chen, J. Zhang, Y. Zhuang, C. Cao, X. Yu, Y. Lyu, L. Zhang, L. Su, T. Liu 等，通过层级解剖特征建立阿尔茨海默病与路易体痴呆的统一连续分期框架，载于：国际医学图像计算与计算机辅助干预会议，Springer，2025年，第13–23页。[45] T. Chen, M. Chen, Y. Zhuang, J. Zhang, L. Zhang, T. Liu, A. M. Blamire, J. T. O’Brien, L. Su, D. Zhu，通过疾病嵌入树及新型精细尺度皮层表征来呈现阿尔茨海默病与路易体痴呆的认知障碍连续谱，Alzheimer’s & Dementia 21 (2025年) e102179。[46] L. Zhang, L. Zhao, D. Liu, Z. Wu, X. Wang, T. Liu, D. Zhu，Cortex2vector：皮层折叠模式的解剖嵌入，Cerebral Cortex 33 (10) (2023年) 5851–5862。[47] T. Zhang, Y. Huang, L. Zhao, Z. He, X. Jiang, L. Guo, X. Hu, T. Liu，识别三铰链脑回的跨个体对应关系，Medical Image Analysis 63 (2020年) 101700。doi:https://doi.org/10.1016/j.media.2020.101700。[48] Y. Huang, Z. He, L. Guo, T. Liu, T. Zhang，皮层标志的多视图图匹配，载于：国际医学图像计算与计算机辅助干预会议，Springer，2019年，第84–92页。[49] T. Zhang, X. Li, L. Zhao, Y. Huang, Z. He, L. Guo, T. Liu，皮层脑回铰链的组间图匹配，载于：国际医学图像计算与计算机辅助干预会议，Springer，2019年，第75–83页。[50] S. Zhang, R. Wang, Y. Kang, S. Yu, H. Hu, H. Zhang，功能与结构特征的联合表征，用于识别共有且一致的三铰链脑回折叠标志，载于：国际医学图像计算与计算机辅助干预会议，Springer，2023年，第163–172页。[51] D. Meunier, R. Lambiotte, E. T. Bullmore，脑网络的模块化与层级模块化组织，Frontiers in neuroscience 4 (2010年) 200。

[52] R. F. Betzel, D. S. Bassett，多尺度脑网络，NeuroImage 160 (2017) 73–83。[53] M. Chen, C. Cao, T. Chen, Y. Zhuang, J. Zhang, Y. Lyu, X. Yu, L. Zhang, T. Liu，利用结构相似性和 Kolmogorov-Arnold 网络对皮层折叠模式进行解剖嵌入，载于：2025 IEEE 第22届国际生物医学成像研讨会（ISBI），IEEE，2025，第1–5页。[54] D. Zhu, D. Zhang, C. Faraco, K. Li, F. Deng, H. Chen, X. Jiang, L. Guo, L. S. Miller, T. Liu，发现脑中稠密且一致的标志点，载于：G. Székely, H. K. Hahn（编），医学成像中的信息处理，Springer Berlin Heidelberg，柏林、海德堡，2011，第97–110页。[55]D. Zhu, K. Li, C. C. Faraco, F. Deng, D. Zhang, L. Guo, L. S. Miller, T. Liu，通过最大化结构连接性轮廓的一致性来优化功能性脑感兴趣区，NeuroImage 59 (2) (2012) 1382–1393。doi:https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2011.08.037。[56] Y. Zhuang, M. Chen, C. Cao, T. Chen, J. Zhang, X. Yu, Y. Lyu, L. Zhang, T. Liu, D. Zhu, 通过可微谱模块度优化进行 GyralNet 子网络划分，载于：国际医学成像中的机器学习研讨会，Springer，2025，第477–486页。[57] A. Tsitsulin, J. Palowitch, B. Perozzi, E. Müller，利用图神经网络进行图聚类，机器学习研究期刊 24 (127) (2023) 1–21。[58] M. E. Newman，网络中的模块度与社区结构，《美国国家科学院院刊》103 (23) (2006) 8577–8582。[59] Y. Liu, J. Li, Y. Chen, R. Wu, E. Wang, J. Zhou, S. Tian, S. Shen, X. Fu, C. Meng 等，重新审视图聚类的模块度最大化：对比学习视角，载于：第30届 ACM SIGKDD知识发现与数据挖掘大会论文集，2024，第1968–1979页。[60] A. Bhowmick, M. Kosan, Z. Huang, A. Singh, S. Medya，Dgcluster：一种通过模块度最大化进行属性图聚类的神经网络框架，载于：AAAI人工智能大会论文集，第38卷，2024，第11069–11077页。[61] M. Van Den Heuvel, R. Mandl, H. Hulshoff Pol，静息态功能磁共振成像数据的归一化割群组聚类，PLOS ONE 3 (4) (2008) e2001。[62] A. Mezer, Y. Yovel, O. Pasternak, T. Gorfine, Y. Assaf，静息态功能磁共振成像时间序列的聚类分析，NeuroImage 45 (4) (2009) 1117–1125。[63] F. Devvrit, A. Sinha, I. Dhillon, P. Jain，S3GC：可扩展的自监督图聚类，神经信息处理系统进展 35 (2022) 3248–3261。[64] Y. Liu, X. Gao, T. He, T. Zheng, J. Zhao, H. Yin, 可靠节点相似度矩阵引导的对比式图聚类，IEEE知识与数据工程汇刊 (2024)。[65] A. v. d. Oord, Y. Li, O. Vinyals，基于对比预测编码的表征学习，arXiv 预印本 arXiv:1807.03748 (2018)。

[66] S. Zhang, H. Li, M. Chen, M. Li, M. Liu, J. Wu, C. Xue, Y. Kong，Spineclue：利用对比学习和不确定性估计自动识别椎骨，《医学人工智能》（2025）103285。[67] J. Shi, J. Malik，归一化割与图像分割，IEEE模式分析与机器智能汇刊 22 (8) (2000) 888–905。[68] X. Shen, X. Papademetris, R. T. Constable，基于图论的脑功能亚单位分区：基于静息态功能磁共振成像数据，NeuroImage 50 (3) (2010) 1027–1035。[69] D. C. Van Essen, S. M. Smith, D. M. Barch, T. E. Behrens, E. Yacoub, K. Ugurbil，华盛顿大学-明尼苏达大学人类连接组计划：概述，NeuroImage 80 (2013) 62–79，连接组绘制。doi:https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2013.05.041。[70]M. Jenkinson, C. F. Beckmann, T. E. Behrens, M. W. Woolrich, S. M. Smith，FMRIB软件库，NeuroImage 62 (2) (2012) 782–790，fMRI 20年。doi:https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2011.09.015。[71]B. Fischl，FreeSurfer，NeuroImage 62 (2) (2012) 774–781，fMRI 20年。doi:https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2012.01.021。[72] F. Zhao, S. Xia, Z. Wu, D. Duan, L. Wang, W. Lin, J. H. Gilmore, D. Shen, G. Li，皮层表面上的球面U-Net：方法与应用，载于：国际医学影像信息处理会议，Springer，2019，第855–866页。[73] F. Zhao, Z. Wu, L. Wang, W. Lin, J. H. Gilmore, S. Xia, D. Shen, G. Li，球面可变形U-Net：在皮层表面分区和发育预测中的应用，IEEE医学成像汇刊 40 (4) (2021) 1217–1228。[74] D. Hu, K. Han, J. Cheng, G. Li，连续对比球面U-Net：提升短时长功能磁共振扫描中个体化功能脑分区的可靠性，载于：国际医学图像计算与计算机辅助干预会议，Springer，2024，第88–98页。[75] C. Cao, T. Chen, N. Zhao, M. Chen, M. Qu, Z. Zhang, X. Shi, X. Li, T. Liu, L. Zhang，Gyral-Sulcal-Net：脑折叠模式的集成网络表示，arXiv 预印本 arXiv:2601.08818 (2026)。[76] F.-C. Yeh, T. D. Verstynen, Y. Wang, J. C. Fernández-Miranda, W.-Y. I. Tseng，通过定量各向异性改进确定性弥散纤维追踪，PLOS ONE 8 (11) (2013) e80713。[77] G. Klambauer, T. Unterthiner, A. Mayr, S. Hochreiter，自归一化神经网络，神经信息处理系统进展 30 (2017)。[78] B. Perozzi, R. Al-Rfou, S. Skiena，DeepWalk：社会表征的在线学习，载于：第20届 ACM SIGKDD知识发现与数据挖掘国际会议论文集，2014，第701–710页。[79] S. Lloyd，PCM中的最小二乘量化，IEEE信息论汇刊 28 (2) (1982) 129–137。

[80] D. Arthur, S. Vassilvitskii，k-means++：谨慎初始化的优势，技术报告，斯坦福（2006年）。[81] Z. Ying, J. You, C. Morris, X. Ren, W. Hamilton, J. Leskovec，利用可微池化进行层次图表示学习，神经信息处理系统进展 31（2018年）。[82] P. J. Besl, N. D. McKay，三维形状配准方法，载于：传感器融合 IV：控制范式与数据结构，第 1611 卷，国际光学工程学会，1992年，第 586–606 页。[83] B. Fischl, N. Rajendran, E. Busa, J. Augustinack, O. Hinds, B. Yeo, H. Mohlberg, K. Amunts, K. Zilles，皮层折叠模式与细胞构筑预测，Cerebral Cortex 18（8）（2008年）1973–1980。[84] L. Tian, H. Greer, F.-X. Vialard, R. Kwitt, R. S. J. Estépar, R. J. Rushmore, N. Makris, S. Bouix, M. Niethammer，GradIcon：通过梯度逆一致性实现近似微分同胚，载于：IEEE/CVF计算机视觉与模式识别会议论文集，2023年，第 18084–18094 页。[85] C. Li, S. Yu, Y. Cui，个体脑区划分：从群体层面图谱到精确映射，神经科学与生物行为评论（2025年）106172。[86] Z. He, T. Zhang, Q. Wang, S. Zhang, G. Cao, T. Liu, S. Zhao, X. Jiang, L. Guo, Y. Yuan 等，脑功能梯度与皮层折叠梯度相关，Cerebral Cortex 34（11）（2024年）bhae453。[87] N. Demirci, M. A. Holland，健康人脑的皮层厚度随曲率和深度呈系统性变化，Human Brain Mapping 43（6）（2022年）2064–2084。[88] H.-M. Dong, D. S. Margulies, X.-N. Zuo, A. J. Holmes，宏观尺度皮层组织梯度的变化标志着从儿童期到青春期的过渡，美国国家科学院院刊 118（28）（2021年）e2024448118。[89] S. E. Petersen, B. A. Seitzman, S. M. Nelson, G. S. Wig, E. M. Gordon，皮层区域的原理及其对神经影像的启示，Neuron 112（17）（2024年）2837–2853。