arXiv:2611.28507v1 [q-bio.NC] 21 Nov 2026

一种连接电生理与血流动力学脑活动的统一表征生成框架

Weiheng Yao[1], Changhong Jing[1], Xuhang Chen[1,2], Chi-ManPun[2], Michael Kwok-Po Ng[3], Shuqiang Wang[1*]

[1]中国科学院深圳先进技术研究院，中国，广东，深圳，518055。[2]澳门大学计算机与资讯科学系，中国，澳门，999078。[3]香港浸会大学数学系，中国，香港，999077。

*通讯作者。电子邮箱：sq.wang@siat.ac.cn；

摘要

脑电生理和血流动力学记录能够以互补的时间和空间尺度解析脑活动，但配对采集仍难以实现规模化。我们提出了一种生成框架，将配对多模态记录对齐至统一表征空间，并根据脑电图生成特定模态的血流动力学响应。在配对队列中，该框架生成了功能性磁共振成像血氧水平依赖信号和功能性近红外光谱血红蛋白响应，重现了区域动态、皮层图谱、功能连接和任务结构。生成的血氧水平依赖信号遵循真实BOLD时间序列和皮层模式，而生成的血红蛋白响应则追踪任务诱发的氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白动态。该框架支持在视觉、运动想象和心算任务之间进行解码、独立记录解码、外部血氧水平依赖信号定位以及小样本增强。配对特征空间校准支持双向检索。所提出的框架将皮层分析和脑解码扩展至真实血流动力学数据稀缺情况下的脑电图记录。

通过脑电生理和血流动力学记录可以获取脑活动 [1–6]。脑电图（EEG）能够以高时间分辨率捕捉快速电活动，已用于认知评估、疾病表征、个体化渴求预测以及有害脑活动的自动检测 [7–10]。功能性磁共振成像（fMRI）能够以较高的空间覆盖范围提供血氧水平依赖（BOLD）响应 [11, 12]。功能性近红外光谱（fNIRS）通过光学血流动力学传感提供氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白响应。可穿戴 fNIRS 平台支持密集采样，从而开展精准功能性神经影像学研究 [13]。脑电图、功能性磁共振成像和功能性近红外光谱通过不同的生物物理通道捕捉脑功能的互补表现。任务诱发空间图、血流动力学反应动态、功能连接和可解码的任务结构，为校准这些记录流提供了可观测终点 [14–16]。

配对的脑电图-功能性磁共振成像和脑电图-功能性近红外光谱记录为跨域校准提供了直接监督 [17–20]。生成模型可以将这种校准转化为可重复使用的血流动力学输出，用于分析反应动态、空间图、网络关系和任务结构。

当跨模态血流动力学生成的输出保留了神经影像分析所用的区域动态、功能连接和任务依赖结构时，便具有科学价值。这些特性决定了生成响应能否支持通常使用真实血流动力学数据开展的分析。

多模态表征学习连接源域和目标域 [21]。预训练特征模型和条件生成器为学习这种关系提供了计算基础 [22–30]。近期的脑电图到功能磁共振成像方法（如 CATD）推进了潜在空间对齐和基于扩散的生成 [31]。在这一设置下，脑电图到血流动力学生成在目标域中进行建模，每个输出均以血氧水平依赖或血红蛋白分析所使用的坐标表示。当采集会话包含脑电图但没有配对的血流动力学记录时，同一建模方式还支持缺失模态补全。

我们提出了一种生成框架，将配对多模态记录对齐到统一的表征空间中，并生成 fMRI 中的血氧水平依赖响应以及 fNIRS 中的血红蛋白响应（图1）。该方法结合了特征提取、模态分块嵌入、共轭对齐、目标域生成和模态特异性校准。生成响应在两个血流动力学领域中均保留了时间、空间和任务相关结构，并支持皮层映射、功能连接分析、脑解码和小样本数据增强。

结果

该框架生成具有区域反应动态的血氧水平依赖信号

BOLD 目标头生成的响应具有时间和空间结构。空间图显示，在所示时间窗内，其区域分布与真实 fNIRS 血红蛋白反应场相对应；参与者层面的时间序列则追踪了枕叶和楔前叶区域中真实血氧水平依赖信号的波动（图 2a、b）。生成的血氧水平依赖信号的时间皮尔逊 r 高于移位输入、相位随机化和配对打乱对照（图 2c）。参与者层面生成值与对照值之差证实，经过校准的源目标配对优于移位输入和打乱配对（图 2d）。移除共享全局成分后，区域相对 r仍为正值，并且高于全部三种对照（图 2e）。因此，该框架捕捉到了皮层反应的共享成分以及区域时间变化。

真实血氧水平依赖信号与生成的血氧水平依赖信号在整体信号和感兴趣区层面的时间变异范围有所重叠（图2f、g）。两个代表性区域的中心值相近，表明 BOLD 目标头维持了与真实血氧水平依赖信号相当的响应尺度。在匹配解码分析中，生成的血氧水平依赖信号的平衡准确率也高于打乱的BOLD（图2h）。这种解码优势将重建动力学与生成信号中的任务相关差异联系起来。

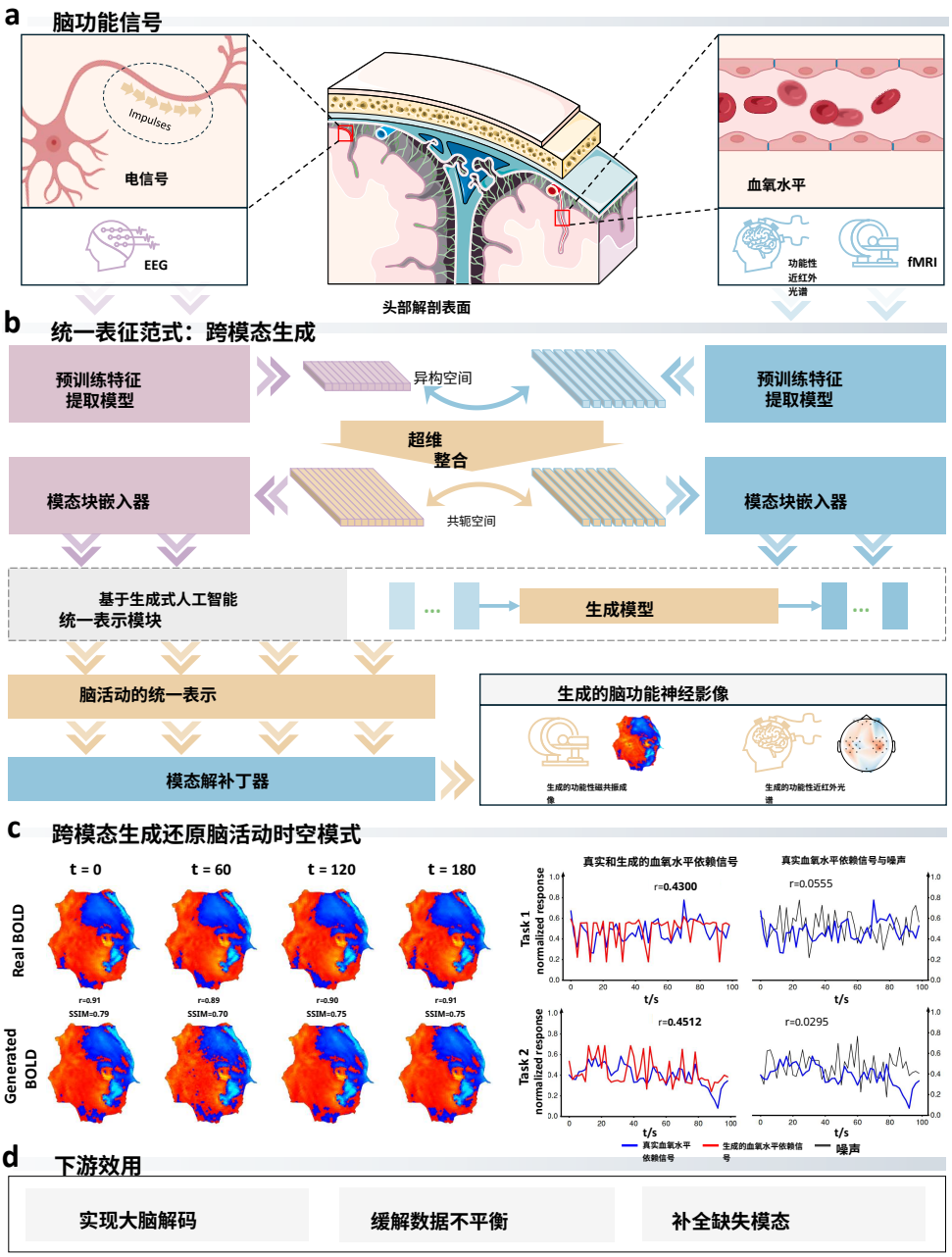

图1 连接电生理与血流动力学脑活动统一表征的生成框架。a, 脑电图记录头皮电位，功能性磁共振成像通过磁共振检测BOLD对比度，功能性近红外光谱则通过光学吸收估算氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白响应。头部的解剖表面图改编自 Servier 旗下 Servier医学艺术，依据知识共享署名3.0未本地化许可证使用。**b,** 预训练特征提取模型和模态块嵌入器将电生理和血流动力学输入投射到异质空间。超维整合在共轭表征中对齐这些空间。统一表示模块中的生成模型生成目标域编码，模态解块器则将编码投射回功能性磁共振成像血氧水平依赖信号和功能性近红外光谱血红蛋白输出。**c,** 生成的血氧水平依赖信号再现了时空皮层活动模式，其变化趋势比噪声对照更贴近真实BOLD时间序列。空间皮尔逊 r 和结构相似性指数用于衡量皮层图谱对应关系。**d,** 下游应用包括脑解码、数据不平衡缓解和缺失模态补全。

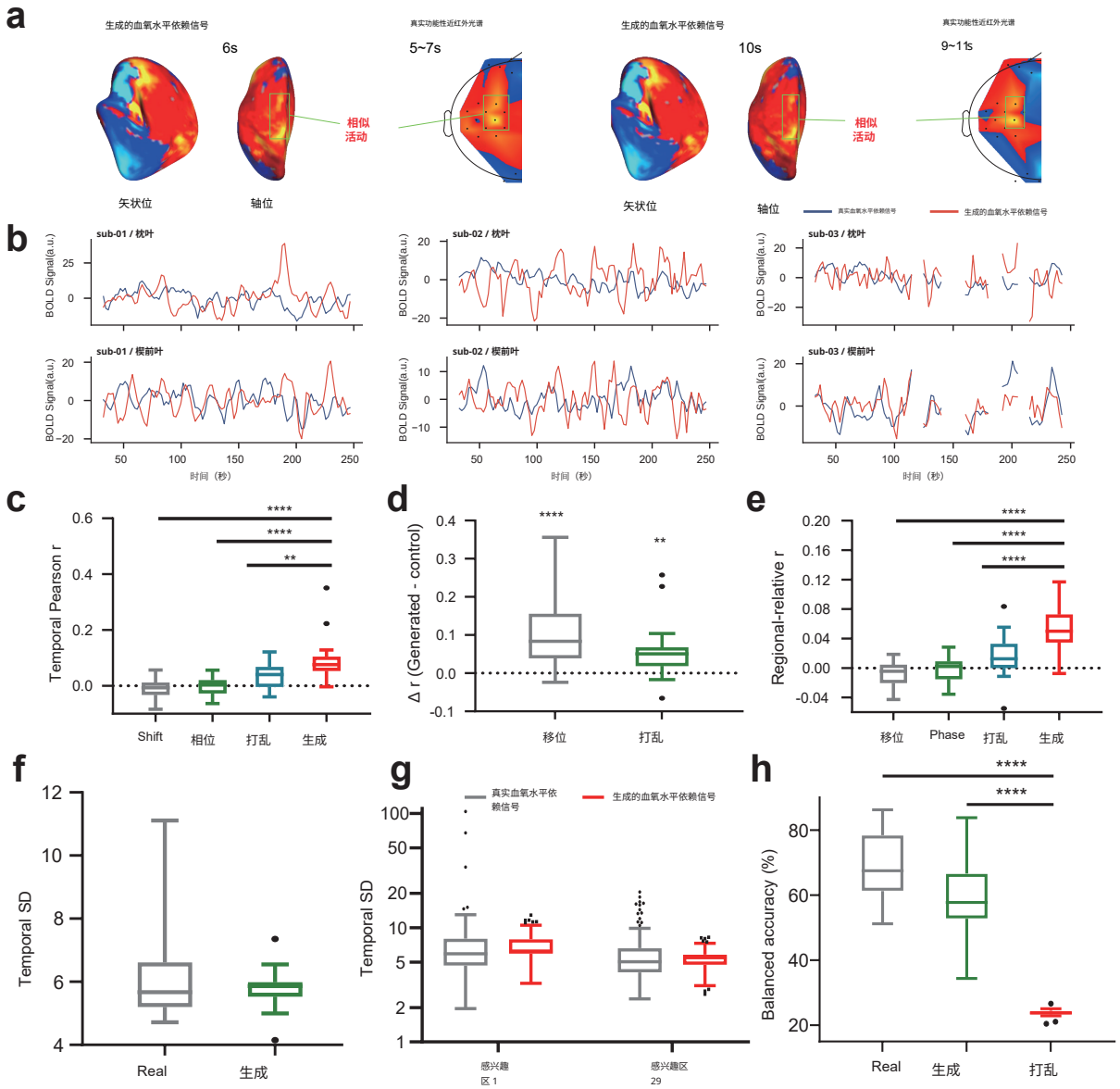

图 2 BOLD生成捕捉反应动态和任务结构。a, 展示了 6 秒和 10 秒时生成的血氧水平依赖图，以及分别在 5 至 7 秒和 9 至 11 秒期间取平均的真实 fNIRS 血红蛋白反应场。**b,** 展示了三名参与者枕叶和楔前叶区域中的真实血氧水平依赖信号与生成的血氧水平依赖信号时间序列。**c,** 时间Pearson r 比较生成的血氧水平依赖信号与移位输入、相位随机化和配对打乱对照。**d,** 生成信号与对照信号之差量化了校准后的源-目标配对带来的增益。**e,** 区域相对r 评估超出共享全局成分的结构。**f,** 全信号时间标准差比较真实血氧水平依赖信号与生成的血氧水平依赖信号。**g,** ROI级时间标准差比较两个代表性区域中的真实血氧水平依赖信号与生成的血氧水平依赖信号。**h,** 平衡准确率在同一解码分析中比较真实BOLD特征、生成的BOLD特征和打乱的BOLD特征。面板 c 至 f 和 h 总结了 21 名参与者的数据，面板 g 总结了 141 条记录。箱线图显示中位数、四分位距和 1.5 倍四分位距须线。配对对比采用双侧参与者层级符号翻转检验，并进行 Holm 校正。星号表示校正后的显著性水平，$^{*}P < 0.05$, $^{**}P < 0.01$, $^{***}P < 0.001$ $^{****}P < 0.0001$ 和。

血氧水平依赖分支生成皮层图谱和功能连接

生成的血氧水平依赖信号被投射到皮层解剖结构上。真实血氧水平依赖信号和生成的血氧水平依赖信号的关键区域图谱显示，在四种视觉条件下，各任务之间存在重叠（图 3a）。这些共有区域将生成响应与各任务相关活动的空间分布联系起来。在整个皮层网络中，功能连接特征显示，真实数据与生成数据对应关系强于真实数据与噪声数据的对应关系（图 3b）。

参与者级皮层图谱在外侧和内侧视图中再现了主要的正向和负向空间模式（图 3c）。相应的功能连接性矩阵显示，真实血氧水平依赖信号和生成的血氧水平依赖信号具有相似的区域相关性模式（图 3d）。这些输出使皮层映射和功能连接分析能够使用相同的生成信号。在频带分析中，SHAP 值 [32] 在四种条件下的视觉任务解码中，对于以伽马波段为条件的生成血氧水平依赖信号最大（图 3e）。生成响应保留了与任务区分相关的频率依赖特征。

血红蛋白分支生成任务诱发的功能性近红外光谱响应

血红蛋白目标头生成了任务诱发的功能性近红外光谱波形。对于左侧和右侧运动想象，生成的氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白均跟踪了其真实对应项，Pearson r 值高于真实数据噪声参照（图 4a）。在展示的四组波形比较中，相关系数范围为0.3812至0.6024。生成的功能性近红外光谱血红蛋白响应场还与四项视觉任务中的真实血氧水平依赖激活模式相一致（图4b），将空间对应关系扩展到了第二个血流动力学目标域。

生成的功能性近红外光谱血红蛋白特征支持运动想象和心算两种范式内的解码。在这两种范式中，其平衡准确率均高于交叉随机打乱、内部随机打乱和脑电图模板对照（图 4c）。在真实响应上拟合的分类器能够解码生成响应，表明血红蛋白分支保留了可在目标域中使用的任务区分信息。运动想象和心算的空间 Pearson r值均为正且具有显著性，表明生成的血红蛋白响应图保留了与任务相关的空间结构（图 4d）。

排名1的召回率展示了脑电特征与血氧水平依赖响应空间或血红蛋白响应空间之间的双向配对检索（图4e）。在两个目标域中，经验覆盖率均随名义覆盖率增加而提高（图4f）。跨域解码还在全部四个定向比较中识别出了与任务相关的结构（图4g）。检索和解码结果表明，该框架在脑电特征与两种血流动力学目标之间均保持了有用的对应关系。

生成的血氧水平依赖信号支持解码与定位

在涵盖19名参与者的四条件视觉任务分析中，生成的血氧水平依赖信号在使用正确标签时准确率较高，并优于其置换标签对照（图5a）。在相同设计下，对脑电特征、生成的BOLD特征、脑电图与生成的血氧水平依赖信号组合以及真实血氧水平依赖信号进行了评估，四条件基准的机会水平为25%。全部四种特征集的正确标签分布均与各自的置换标签对应项分离。生成的血氧水平依赖信号本身在目标域中保留了可区分的任务结构，也可与脑电特征组合用于解码。

一项涵盖20名参与者的独立三条件记录分析采用33.3%的机会基准，并显示出相同的正确标签优势（图5b）。生成的血氧水平依赖信号以及脑电图与生成的血氧水平依赖信号组合的准确率均高于各自的置换标签对照，而真实血氧水平依赖信号则提供了目标域基准。当在一条记录上拟合的分类器应用于一条留出记录时，生成特征中的任务差异仍可被识别。因此，该框架在两种解码设计中保留了有用的BOLD特征。

外部定位应用使用经NODDI训练的EEG-fMRI接口，将帕金森病患者脑电图衍生的BOLD响应区域置于解剖学背景中（图5c）。该应用

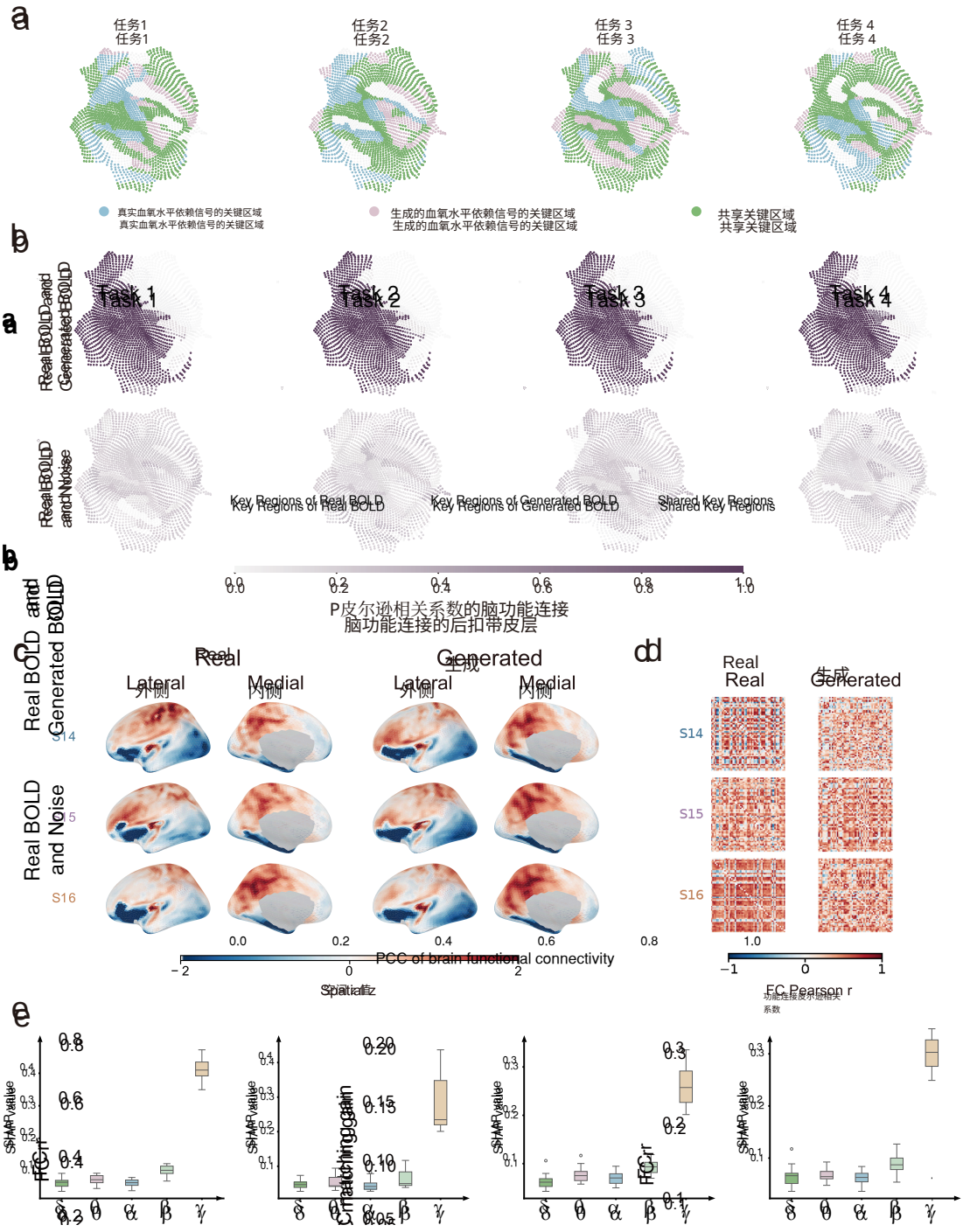

图3 生成血氧水平依赖信号支持皮层映射和连接组分析。a, 展示了四项任务中真实血氧水平依赖图、生成血氧水平依赖图及其共享重叠区域的关键区域。**b,** 皮层功能连接性剖面对比了真实数据与生成数据对应关系和真实数据噪声参照。**c,** 以外侧和内侧视图展示三位参与者的真实血氧水平依赖信号皮层活动图和生成血氧水平依赖信号皮层活动图。**d,** 展示了同一批参与者的真实血氧水平依赖信号功能连接性矩阵和生成血氧水平依赖信号功能连接性矩阵。**e,** SHAP值总结了频带条件化生成血氧水平依赖信号对视觉任务解码的频带贡献。箱线图显示中位数、四分位距和1.5倍四分位距须线。

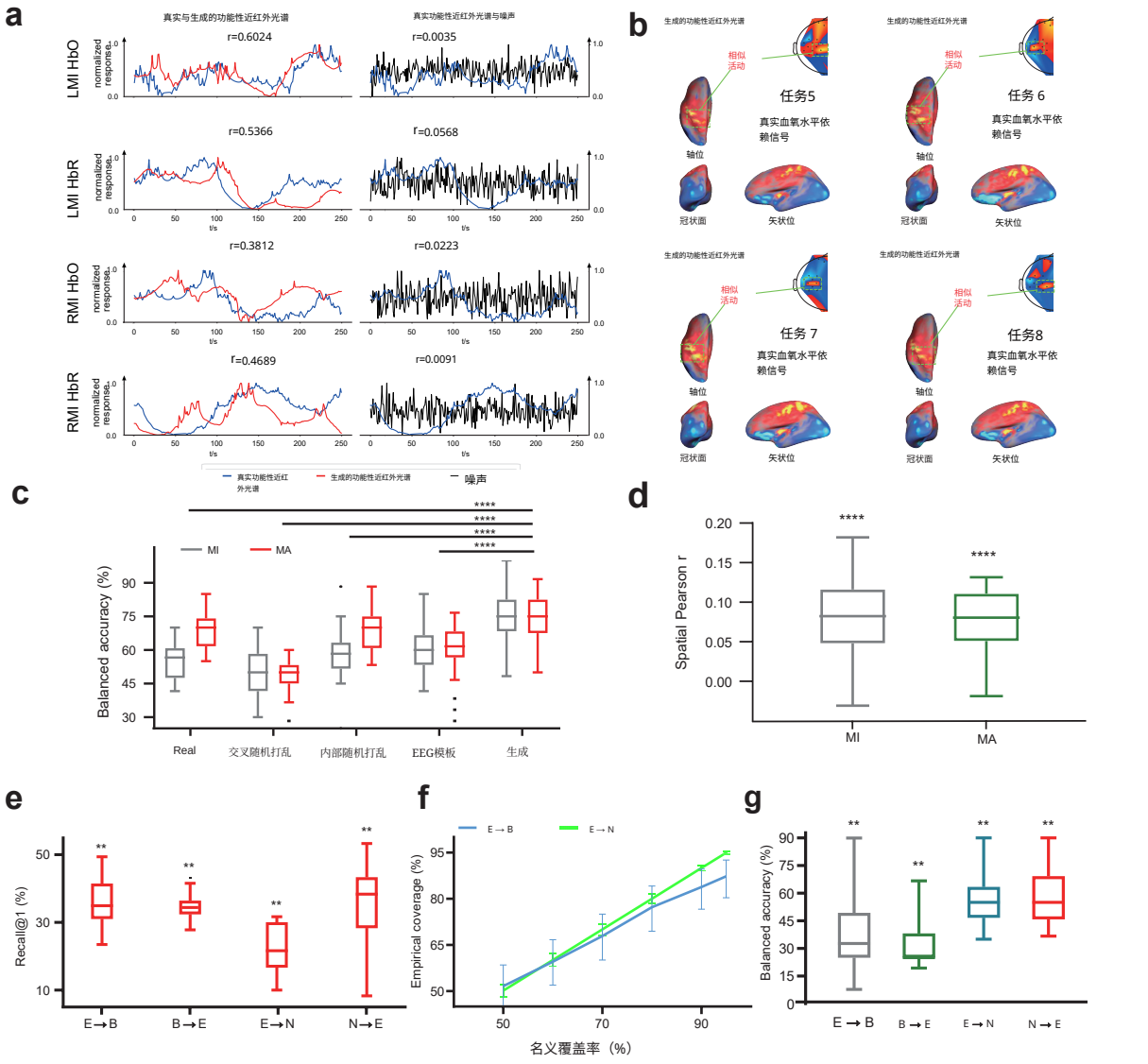

图4 血红蛋白生成支持任务诱发的功能性近红外光谱分析和配对目标域应用。a、真实功能性近红外光谱血红蛋白波形和生成的功能性近红外光谱血红蛋白波形显示了左侧运动想象和右侧运动想象在HbO和HbR中的响应对应关系。真实功能性近红外光谱与噪声之间的相关性提供了参考对照。**b、**生成的功能性近红外光谱血红蛋白响应场与任务5至8中的真实血氧水平依赖激活模式相一致。**c、**平衡准确率比较了运动想象和心算条件下的真实、交叉随机打乱、内部随机打乱、EEG模板和生成条件。**d、**空间Pearson r 量化了运动想象和心算的响应图对应关系。**e、**排名1的召回率评估了EEG特征与血氧水平依赖响应空间或血红蛋白响应空间之间的配对检索。**f、**经验覆盖率评估了血氧水平依赖响应空间和血红蛋白响应空间中的校准预测区间。**g、**平衡准确率评估了跨越相同特征与响应空间的跨域解码。E、B和N分别表示脑电图、血氧水平依赖和功能性近红外光谱血红蛋白空间。箱线图显示中位数、四分位距和1.5倍四分位距须线。配对响应对比采用双侧参与者层级符号翻转检验。检索和方向性解码采用单侧条件匹配零假设检验。在每个分析家族内应用Holm校正。星号表示校正后的显著性水平，其中 $^{*}P < 0.05$、$^{**}P < 0.01$ $^{***}P < 0.001$ $^{****}P < 0.0001$ 以及。

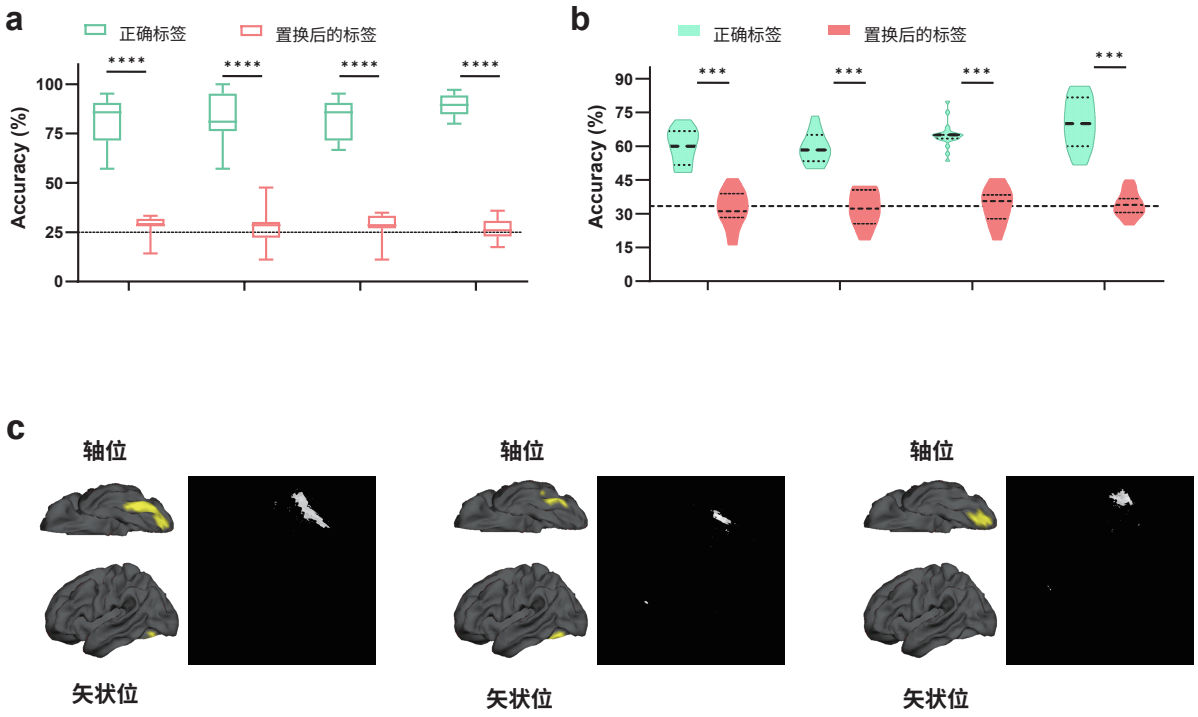

图5 生成的目标域特征支持校准解码和定位。a, 在19名参与者中，四条件视觉任务准确率比较了正确标签和置换后的标签下的脑电特征、生成的BOLD特征、脑电特征与生成的BOLD特征的组合，以及真实BOLD特征。虚线表示25%的随机准确率。**b,** 在20名参与者中，三条件独立记录准确率比较了正确标签和置换后的标签下相同的特征集。虚线表示33.3%的随机准确率。**c,** 外部定位应用展示了将经NODDI训练的EEG-fMRI接口应用于帕金森病脑电输入后获得的代表性BOLD响应区域。箱线图显示中位数、四分位距和1.5倍四分位距须线。小提琴图显示参与者分布，内部线标示中位数和四分位数。正确标签与置换标签的对比采用双侧参与者层级符号翻转检验，并进行Holm校正。星号表示校正后的显著性水平，分别为 $^{*}P < 0.05$、 $^{**}P < 0.01$、 $^{***}P < 0.001$ 和 $^{****}P < 0.0001$。

将框架扩展至基于外部EEG输入的解剖定位的BOLD生成。

稳健脑解码的数据增强

增强接口改善了小样本解码。每项任务都定义了一种小样本目标条件，而生成样本在解码器训练期间丰富了该条件。生成增强提高了任务5、任务6、任务7和任务8的目标类别F1值，在每项任务中均显著优于经过校正的不平衡训练（图6a至d）。在全部四种情景中，与类别加权、抖动增强和类别模板增强相比，生成增强也取得了更高的中位数F1分数（图6a至d）。相较于这些基准方法，生成增强的优势表明脑电图条件化的血氧水平依赖生成提供了有用的任务特异性训练样本。

在四项任务中，采用生成数据进行增强后，精确率均有所提高，同时目标类别的F1分数也有所提升（图 6f）。新增样例提升了模型在留出的真实BOLD数据上的解码表现，将生成带来的益处与目标域中的性能联系起来。该框架利用匹配的脑电图输入丰富解码器训练，同时保持可用的真实BOLD训练集不变。

讨论

脑电图、功能性磁共振成像和功能性近红外光谱依赖不同的采集原理。脑电图记录头皮上的快速电位，功能性磁共振成像通过磁共振检测BOLD对比度，而功能性近红外光谱则估算

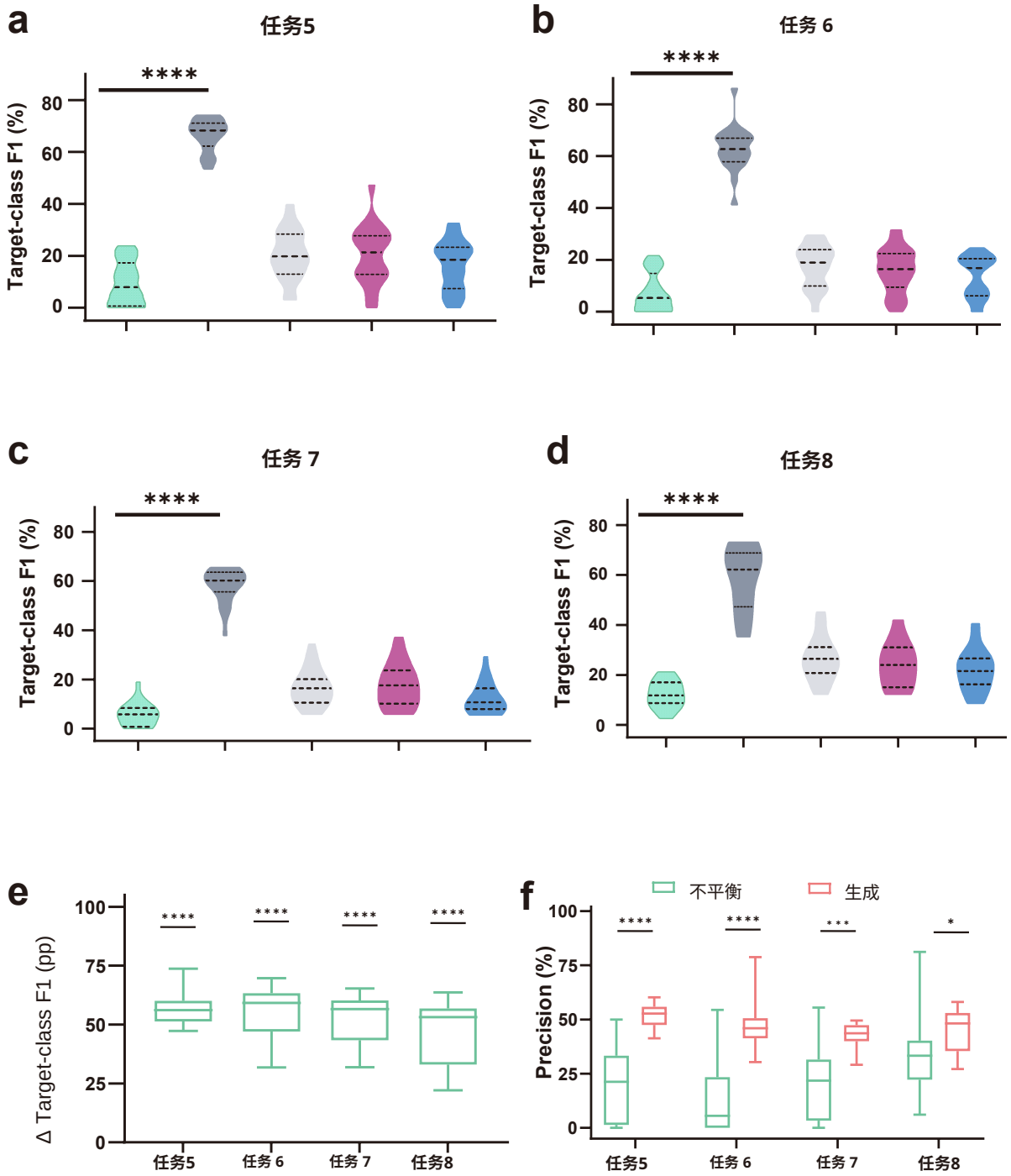

图 6 生成式目标域增强可改善低样本大脑解码。a 至 d, 分别展示任务5、任务 6、任务 7 和任务8在不平衡训练、生成式增强、类别加权、抖动增强和类别模板增强条件下的目标类别F1值。每种情形均以低样本目标任务和匹配的较高样本量非目标任务为起点。**e,** 生成式与不平衡条件之差按相同顺序汇总任务5至任务8目标类别F1值的提升幅度，单位为百分点。**f,** 比较各任务在不平衡训练与生成式训练下的精确率。小提琴图展示参与者分布，虚线标示中位数和四分位数。箱线图展示中位数、四分位距和1.5倍四分位距须线。采用双侧参与者层级符号翻转检验并进行Holm校正，对生成式条件与不平衡条件进行比较。星号表示校正后的显著性水平，分别为 $^{*}P < 0.05$、 $^{**}P < 0.01$、 $^{***}P < 0.001$ 和 $^{****}P < 0.0001$。

HbO 和 HbR 通过光学吸收发生变化。所提出的框架将这些配对记录流对齐到统一表征空间中，并在其原生目标坐标中生成血氧水平依赖或血红蛋白响应。生成响应再现了功能性神经影像学分析所采用的区域动态、皮层图谱、功能连接和任务依赖性结构。

生成的血氧水平依赖信号保留了皮层反应图谱和功能连接，而生成的血红蛋白则保留了任务诱发的波形和空间结构。这些量将证据扩展到逐点信号相似性之外，因为皮层图谱、连接组和血红蛋白响应场构成了许多功能分析的基础 [14, 33, 34]。统一表征将电生理特征和血流动力学特征对齐到兼容的坐标中，以生成特定目标的血氧水平依赖和血红蛋白响应。

经过配对校准后，可以将额外的脑电图会话映射到与皮层和网络分析兼容的目标域表征中。配对多模态采集成为一种校准资源，支持跨后续记录会话的功能分析。这一设计拓展了配对队列的分析价值，并支持任务丰富或纵向研究中的模态缺失补全。

fNIRS目标头戴设备将同一表示原则应用于血红蛋白响应。生成波形遵循真实氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白的动态变化，生成的响应场则在不同任务中与真实血氧水平依赖激活模式相吻合。范式内解码表明，血红蛋白输出保留了运动想象和心算的结构。双向检索与跨域解码进一步将脑电特征与血氧水平依赖信号及血红蛋白响应空间联系起来。单一表示框架为功能性磁共振成像和功能性近红外光谱中的下游分析生成了特定目标的响应[35–37]。

生成的血氧水平依赖信号和血红蛋白响应支持对视觉、运动意象和心算范式进行解码。正确标签与置换标签的对比揭示了生成的血氧水平依赖特征中的任务相关结构，而外部应用则将基于外部EEG输入的血氧水平依赖响应置于解剖学背景中。该框架支持在配对队列中进行任务解码，并基于外部EEG输入实现解剖定位。

统一表示接口将有针对性的多模态校准与更密集的电生理采样相结合。配对记录用于确定多模态对应关系，后续脑电图记录则将目标域分析扩展至更多会话或条件。这一设计适用于纵向功能监测、重复认知评估、自适应脑机接口和个体化多模态脑部分析；在这些场景中，相较于重复进行多模态采集，密集的电生理采样更易实现。

小样本增强直接体现了目标域生成的应用价值。生成的血氧水平依赖信号样本改善了稀疏训练条件下的目标类别F1值，精确率的提升也证实了阳性预测性能更高。这一结果适用于脑机接口和神经影像研究，其中目标域观测在不同任务、参与者或访视之间分布不均 [38–40]。通过丰富稀缺的目标条件，该框架提升了在留出的真实BOLD数据上的解码表现，并支持用于稳健脑解码的数据增强。

近期关于可穿戴功能性近红外光谱和临床脑电图的研究强调密集采样、个体化预测和自动检测 [7–10, 13]。在此背景下，所提出的框架将密集脑电图采样与针对性的血流动力学校准相结合，用于纵向监测、任务丰富型脑解码和跨受试者建模 [41–44]。该方法将配对多模态记录转化为可重复使用的模型，用于根据脑电图生成血氧水平依赖信号和血红蛋白响应。

方法

数据集与评估范围

本研究使用了四个具有不同用途的公开数据集。NatView 和脑电-功能性近红外光谱运动反馈队列提供配对脑电-功能磁共振成像和脑电-功能性近红外光谱队列，用于直接评估。NODDI 提供独立的同步脑电图-功能性磁共振成像资源，用于拟合外部定位应用所用的脑电到BOLD接口。EEG-3SAORP 为该应用提供帕金森病脑电输入。定量结果侧重于

具有真实目标域参考数据的配对队列，而外部定位面板则为临床脑电输入提供解剖学背景。

BOLD分析评估重建、皮层响应映射、任务解码和数据增强。血红蛋白分析评估HbO和HbR波形、事件锁定响应特征以及范式内解码。图4e至g中的检索、预测区间和方向性解码评估脑电特征与血流动力学响应空间之间经校准的对应关系。

NatView在自然情境观看期间提供同步脑电图-功能性磁共振成像记录 [45]。主要的BOLD实现使用21名参与者、141次运行和15,510个配对帧。一个锁定的质量控制分析子集包含12,345个具有有效脑电历史记录和BOLD目标的帧。任务标签充当刺激标识符。第2场次使用任务1（《神偷奶爸》匈牙利语版）、任务2（Inscapes）、任务3（Monkey2）和任务4（Monkey5）。第1场次使用任务5（《神偷奶爸》英语版）、任务6（Inscapes）、任务7（Monkey1）和任务8（《礼物》）。两次Inscapes记录具有不同的场次标签。五个参与者互斥的外层折分别分配生成器拟合、调优和评估角色。拟合数据用于确定尺度变换、插补和目标变换。调优数据用于指导模型选择。外层测试标签保留用于最终评估。

脑电-功能性近红外光谱运动反馈数据集包含29名参与者 [46]。任务诱发响应分析使用了1,740个运动想象事件和1,740个心算事件，涉及36个氧合血红蛋白通道和36个脱氧血红蛋白通道。五个参与者互斥折分别分配18至19名拟合参与者、5名调优参与者以及5至6名评估参与者。脑电和功能性近红外光谱事件时钟通过各自的标记进行对齐。响应分析使用原生物理坐标中的脑电特征和血红蛋白浓度。

NODDI数据集包含来自健康成年人的同步脑电图和功能性磁共振成像记录 [47,48]。外部定位应用使用该数据集拟合脑电到BOLD接口，然后将拟合后的接口应用于帕金森病脑电输入。EEG-3SAORP帕金森病数据集包含静息态和三刺激听觉奇异范式脑电记录 [49]。EEG-3SAORP为图5c中的帕金森病定位显示提供外部EEG输入。

主要定量分析使用上述配对脑电-功能磁共振成像和脑电-功能性近红外光谱队列。NODDI和EEG-3SAORP共同构成图5c中的外部定位应用，并为配对重建分析之外的内容提供解剖学背景。

伦理与原始采集

本研究分析了此前采集的去标识化公开神经影像数据。原始NatView研究获得Nathan Kline研究所机构审查委员会（IRB#941632）的批准，并在采集前取得书面知情同意 [45]。原始脑电-功能性近红外光谱运动反馈采集经柏林工业大学心理学与人体工程学研究所伦理委员会批准（批准编号SH 01 20150330），参与者在实验前提供了知情同意 [46]。NODDI和EEG-3SAORP作为公开去标识化数据进行分析[47–49]。

预处理与信号质量

原始预处理包括脑电图滤波、伪迹去除、FreeSurfer功能性磁共振成像配准和皮层采样 [15, 50]，以及将信号光学转换为经过滤波的氧合血红蛋白/脱氧血红蛋白。六秒对齐惯例遵循原始处理界面 [51]。使用物理信号的分析保留记录的时钟和事件定义。

对于图 2 总结的BOLD分析，经校正的脑电特征包括扫描仪伪迹和心脏伪迹校正。锁定的信号掩码保留了 12,345 帧，这些帧在全部 21 位参与者和 141 次运行中均具有有效的BOLD目标和脑电历史记录。缺失的特征值通过拟合参与者数据进行插补。解剖学目标值为 142 个双侧 Destrieux 脑区的均值。以运行批次为中心的BOLD目标和全程脑电图上下文共同定义了运行级重建分析。区域、参与者和展示运行均遵循解剖学和方案定义。

图 4c、d 中的事件锁定血红蛋白分析使用 30 个经过共平均参考的脑电头皮通道，并分别采用 8 至 13、13 至 30 和 8 至 30 赫兹频段滤波。脑电功率和协方差

特征总结了每个事件发生后 0 至 10 秒的数据。血红蛋白目标以 -3 至 0 秒为基准进行基线校正，并包含原生浓度坐标下 5 至 15 秒的响应均值和斜率。该响应特征分析涵盖全部 3,480 个事件。图 4a 中的波形比较使用时间性 HbO 和 HbR 输出，并以归一化响应的形式显示。

生成框架与统一表征

该框架将脑电图作为电生理输入，并通过统一表征公式生成 fMRI 血氧水平依赖信号和功能性近红外光谱血红蛋白响应。图1所示的工作流程包括特征提取、模态补丁嵌入、共轭对齐、生成和模态补丁还原。预训练脑电图和功能性磁共振成像特征模型提供表征组件 [52,53]。针对每个队列和血流动力学领域校准源变换和目标映射。令 $m \in \{B, H\}$ 表示血氧水平依赖和血红蛋白领域。对于参与者 i、运行或会话 r以及时间或事件索引 t，配对拟合集为

$$\mathcal{D}_m = \Big\{ \big(\mathbf{e}_{ir}(t-\Delta_m : t), \mathbf{y}^m_{irt}, \mathbf{q}_{rt}\big) \Big\}_{i,r,t} \tag{1}$$

$\mathbf{e}_{ir}(t-\Delta_m:\ t)$ 是脑电图历史数据，$\mathbf{y}^m_{irt} \in \mathbb{R}^{d_m}$ 是目标领域向量，而$\mathbf{q}_{rt}$ 记录采集背景信息。血氧水平依赖领域使用皮层目标，血红蛋白领域则使用氧合血红蛋白和脱氧血红蛋白目标。特定于目标的补丁算子将编码后的源流和目标流转换为令牌集，

$$\begin{aligned} \mathbf{r}^E_{irt,q} &= E^E_q \Pi^E_q\big(\mathbf{f}^E_{irt}\big) + \mathbf{b}^E_q \\ \mathbf{r}^m_{irt,q} &= E^m_q \Pi^m_q(\mathbf{f}^m_{irt}) + \mathbf{b}^m_q \end{aligned} \tag{2}$$

Π^E_q和 Π^m_q选择源补丁和目标补丁，E^E_q和 E^m_q对这些补丁进行嵌入，并且 q 为时间、空间或通道维度的标记建立索引。该操作在源流和目标流进入共享表征接口之前，保留了模态特异性的采样结构。

源特征映射和目标特征映射在目标域生成前对成对数据流进行编码，

$$\begin{aligned} \mathbf{f}^E_{irt} &= \phi_{E,m}(\mathbf{e}_{ir}(t-\Delta_m : t)) \\ \mathbf{f}^m_{irt} &= \phi_m(\mathbf{y}^m_{irt}) \end{aligned} \tag{3}$$

$\phi_{E,\ m}$ 和 ϕ_m 表示域 m 的源特征映射和目标特征映射。它们的拟合参与者变换定义了相应的特征坐标。超维整合将源特征和目标特征投射到兼容的坐标中，

$$\begin{aligned} \mathbf{g}^E_{irt} &= U^E_m\Big[\mathbf{f}^E_{irt}, \{\mathbf{r}^E_{irt,q}\}_{q=1}^{Q_E}\Big] \\ \mathbf{g}^m_{irt} &= U^m\Big[\mathbf{f}^m_{irt}, \{\mathbf{r}^m_{irt,q}\}_{q=1}^{Q_m}\Big] \end{aligned} \tag{4}$$

U^E_m和 U^m是目标感知投影，用于对齐电生理特征和血流动力学特征。共轭表征为源条件目标生成提供配对坐标。

模态补丁还原将生成的目标代码恢复到用于皮层或血红蛋白分析的坐标，

$$\hat{\mathbf{y}}^m_{irt} = \mathcal{U}_m(\hat{\mathbf{u}}^m_{irt}) \tag{5}$$

$\mathcal{U}_m$ 表示目标特异性的逆变换。它利用拟合参与者的尺度变换和空间定义，恢复血氧水平依赖的皮层值以及功能性近红外光谱的血红蛋白响应坐标。

条件性 BOLD 模型通过可学习的时间权重整合脑电图历史信息，

$$\begin{aligned} \alpha_{\ell q} &= \frac{\exp(\omega_{\ell q})}{\sum_v \exp(\omega_{\ell v})} \\ \mathbf{h}_{irt,\ell} &= \sum_q \alpha_{\ell q} \tilde{\mathbf{r}}^E_{irt,q} \end{aligned} \tag{6}$$

$\omega_{\ell q}$ 是时间剖面 ℓ 和标记 q的学习权重，并且 $\tilde{\mathbf{r}}^E_{irt,\ q}$ 是经过时间编码的脑电图标记。配对的血氧水平依赖接口采用六秒对齐约定。时间加权会调整该接口内脑电图历史信息的整合方式。事件锁定血红蛋白分析使用上文指定的响应窗口。

源条件表示和配对目标表示为目标估计提供坐标，

$$\begin{aligned} \mathbf{z}^m_{irt} &= \Psi_m\big(\mathbf{g}^E_{irt}, \mathbf{q}_{rt}\big) \\ \mathbf{u}^m_{irt} &= P_m \mathbf{f}^m_{irt} \end{aligned} \tag{7}$$

$\mathbf{z}^m_{irt}$ 是源条件表示，$\mathbf{u}^m_{irt}$ 是配对目标编码。在条件式血氧水平依赖模型中，注意力查询整合加权后的时间上下文和 EEG 词元，以形成活动和上下文表示。在血红蛋白响应模型中，池化 EEG 投影将两种范式与其血红蛋白目标对齐。特定于目标的映射保留了相应下游分析所需的坐标。

条件性 BOLD 模型在拟合的目标空间中估计一个分布，

$$p_{\theta_B}\left(\mathbf{u}^B_{irt} \mid \mathbf{e}_{ir}(t-\Delta_B:t)\right) = \mathcal{N}\left(\boldsymbol{\mu}^B_{\theta,irt}, \Sigma^B_{\theta,irt}\right) \tag{8}$$

条件均值结合了拟合的线性锚点与学习得到的注意力残差，

$$\begin{aligned}\hat{\mathbf{u}}^B_{irt} &= \boldsymbol{\mu}^B_{\theta,irt} \\ &= W^B_{\text{anchor}}\mathbf{f}^E_{irt} + b^B_{\text{anchor}} \\ &\quad + R_{\theta_B}\left(\mathbf{z}^B_{irt}\right)\end{aligned} \tag{9}$$

R_{θ_B} 使用交叉注意力特征，并结合 EEG 派生活动和上下文编码。在逆投影之前，拟合的锚点与残差会在 BOLD 目标空间中合并。血红蛋白模型采用汇集的源投影和特定于范式的正则化响应图，如下所述。

条件性 BOLD 模型通过目标似然、配对表示对齐和活动—上下文约束进行拟合，

$$\begin{aligned}\mathcal{L}_B &= \mathcal{L}_{\text{NLL}} + \lambda_a\mathcal{L}_{\text{align}} \\ &\quad + \lambda_c\left(\mathcal{L}^E_{\text{cond}} + \mathcal{L}^B_{\text{cond}}\right) \\ &\quad + \lambda_o\mathcal{L}_{\text{orth}}\end{aligned} \tag{10}$$

$\mathcal{L}_{\text{NLL}}$ 是高斯负对数似然，$\mathcal{L}_{\text{align}}$ 是针对成对活动编码的对称对比目标。基于拟合得到的条件编码通过 $\mathcal{L}^E_{\text{cond}}$ 和 $\mathcal{L}^B_{\text{cond}}$监督脑电图与目标活动表示。$\mathcal{L}_{\text{orth}}$惩罚归一化活动编码与上下文编码内积的平方。权重 λ_a、λ_c 和 λ_o 分别为 0.10、0.20 和 0.01。变换由拟合参与者估计。调优参与者重建误差用于选择保存的模型状态，调优数据则在对评估参与者进行评分前确定下游超参数。

重建接口

主要的血氧水平依赖生成器使用 21 名参与者、141 次运行和 15,510 个帧，每次运行包含连续的 110 个帧。原生 EEG 包含 61 个通道，采样率为 250 赫兹。8 个时间分箱和 6 个频谱组提供对数功率特征。分析使用发布的预处理接口。拟合参与者的变换定义目标域坐标。真实血氧水平依赖信号目标使用每次运行的低运动均值进行中心化。生成响应在这些中心化坐标中进行评估。参与者互斥折确保每位参与者都被评估一次。

生成的输出被投影为皮层值。全部 142 个双侧 Destrieux 脑区 [54]均参与重建。观测到的运行去均值目标作为基准。固定的运行内循环输入移位用作时间控制。时间相关性在每个运行和脑区内计算。先在任务内对运行取平均，再在每位参与者内对任务进行等权平均。时间标准差汇总直接比较生成尺度与真实尺度。推断仅使用脑电特征。

组织对应性与特异性

皮层分析对真实血氧水平依赖信号和生成的血氧水平依赖信号采用相同的解剖坐标。图3a、b中的按任务划分的关键脑区图和区域连接特征量化了空间与网络层面的对应关系。图3c、d中的参与者层级图和矩阵保留了相应分析中的皮层采样方式及71 脑区连接排序。功能连接根据区域信号之间的时间相关性计算。图3e中的频带归因评估了分别以德尔塔波段、西塔波段、阿尔法波段、贝塔波段和伽马波段脑电图为条件的生成血氧水平依赖信号的视觉任务解码。针对任务解码模型计算SHAP值 [32]，并按频带汇总。

$$\begin{aligned}C^s_{ab}(i,r) &= \text{corr}_t\left(Y^s_{ir,a}(t), Y^s_{ir,b}(t)\right) \\ r_{\text{FC}}(i,r) &= \text{corr}_{a<b}\left(C^{\text{Real}}_{ab}(i,r),\right. \\ &\qquad \left. C^{\text{Generated}}_{ab}(i,r)\right)\end{aligned} \tag{11}$$

$s \in$ {真实，生成} 用于标识信号类型，而 a，b 用于索引皮层区域。

联合血红蛋白响应模型与锁定解码

运动想象和心算共享一个仅基于脑电图拟合的汇总变换。血红蛋白目标头使用采集上下文编码来预测 144 维响应，该编码可标识记录协议，但不会编码范式内类别标签。下游分类器在锁定解码协议下评估留出的范式内标签。调优参与者决定模型选择。基于真实响应拟合的分类器会在对外部测试参与者的生成响应进行评分前锁定。

$$\begin{aligned}\hat{\mathbf{h}}_{irt} &= \left[\hat{\mathbf{h}}_{irt}^{\mathrm{HbO}}, \hat{\mathbf{h}}_{irt}^{\mathrm{HbR}}\right] \\ &= G_{\theta_H}\left(\mathbf{f}_{irt}^{E}, \mathbf{q}_{rt}\right)\end{aligned} \tag{12}$$

跨类别洗牌会在参与者、范式和会话内置换拟合供体。类内洗牌还会保留范式内标签。脑电图选择的模板采用拟合参与者的真实响应均值，模板选择则依据脑电图。调优参与者用于指导模型选择。真实响应和拟合均值提供基准。分别针对真实响应和生成响应计算两种条件之间的空间对比，并在每位参与者内对其 HbO 和 HbR 相关性取平均。

用于解码与增强的BOLD目标头

用于解码和数据增强的血氧水平依赖目标头遵循公式 (9)。采用五个参与者互不重叠的折来拟合生成器。仅用于拟合的脑电图对数功率特征和仅用于拟合的血氧水平依赖目标坐标定义了配对表征接口。模型采用 128 的隐藏宽度、四个注意力层、八个头，以及 64 维的活动编码和上下文编码。四种由拟合数据得出的活动状态用于监督表征目标。上下文表示由脑电特征推断。视觉刺激标签用于下游解码分析。AdamW 拟合采用 0.0003 的学习率、0.0002 的权重衰减、1,024 个样本的批次大小，并最多训练 12 个轮次，耐心值为 3。根据调优参与者的重建误差选择保存的状态，然后进行下游评分。

解码和数据增强实验使用该目标头的条件均值响应。在拟合后的目标坐标系中计算短窗口均值和标准差汇总，得到目标域特征。在评估前，变换、折的分工、选定权重和下游时间窗均已固定。

校准的BOLD任务解码

图5a中的BOLD目标头解码分析使用了全部19名参与者的完整四条件视觉任务数据。四个标签定义了25%的机会基准。每位参与者的生成响应均来自参与者互斥的生成器折。每次运行都划分为互不重叠的窗口，并设有专门用于拟合、调优和评估的窗口。四组特征采用相同的流程结构。这些特征集包括脑电特征、生成的BOLD特征、真实BOLD特征，以及脑电特征与生成的BOLD特征的组合。所有条件均采用相同的仅拟合阶段尺度变换、正则化分类器和由调优指导的模型选择。不同特征集之间的分类器类型和搜索预算保持一致。

$$\begin{aligned}&\hat{k} = \arg\max_{k} P_{\eta}(k \mid \mathbf{v}) \\ &\mathbf{v} \in \big\{\mathbf{v}_{E}, \mathbf{v}_{\mathrm{Generated}}, \\ &\qquad \mathbf{v}_{E} \oplus \mathbf{v}_{\mathrm{Generated}}, \mathbf{v}_{\mathrm{Real}}\big\}\end{aligned} \tag{13}$$

拟合标签置换保留参与者内部的类别计数。仅对拟合标签进行置换。调优标签用于指导模型选择，测试标签用于最终评分。参与者角色、窗口角色和零假设评分在评估前设定。

独立记录解码

图5b中的独立记录测试使用了20名参与者的完整三条件记录。三个标签对应33.3%的机会基准。分析对一条记录进行拟合，并按照图5a中使用的相同特征集定义，将训练好的分类器应用于留出记录。拟合标签置换不会改变调优和测试标签。准确率是所展示的评估指标。正确标签和置换标签分析采用了匹配的参与者角色、特征缩放、分类器选择和零假设评分。

跨域校准、检索与解码

图4e至g中的配对特征空间分析采用针对各项分析的校准。配对检索在调优参与者上选择一种对齐方式，在脑电图和血流动力学响应空间中对八个条件匹配候选项进行排序，并报告两个方向上的排名1的召回率。预测区间分析拟合脑电图到目标域映射，并使用校准残差分位数为每个名义覆盖率定义区间。经验覆盖率在留出目标响应上进行评估。方向性解码使用校准后的源域-目标域特征和锁定的目标域分类器，报告图4g中四个有向配对的平衡准确率。

稳健脑解码的数据增强

图 6 在五个参与者互斥的折叠中使用锁定的生成器。图6a至d按任务顺序升序呈现从任务5到任务8的低样本目标任务。每个示例概括了一个包含均值与变异性特征的短目标域窗口。每项任务都在特定任务场景中作为低样本目标任务；下游解码器可获得30个真实目标样本，以及每个其他任务各120个真实样本。生成过程根据匹配的脑电图输入新增90个模型生成的目标域样本，同时不增加用于解码器拟合的真实血氧水平依赖样本数量。抖动增强和类别模板增强添加相同数量的样本。类别加权使用原始真实样本。正则化和增强参数通过内部验证选定。

$$\mathcal{T}_k^{\mathrm{aug}} = \mathcal{T}_k^{\mathrm{Real}} \cup \{(\mathbf{v}_{\mathrm{Generated},j}, k)\}_{j=1}^{90}$$
$$\mathbf{v}_{\mathrm{Generated},j} = \mathcal{S}\big(\{\boldsymbol{\mu}_{\theta,t}^{B}\}_{t\in\mathcal{W}_j}\big) \tag{14}$$

$\mathcal{S}$ 将拟合后的血氧水平依赖坐标中窗口 $\mathcal{W}_j$ 上的均值和标准差连接起来。

测试使用留出参与者的真实血氧水平依赖信号。配对校准和下游解码采用参与者互斥角色，并将低样本约束应用于可用于解码器拟合的真实目标域示例。匹配的脑电图输入为生成增强提供来源。留出的真实BOLD数据仅用于评估。在参与者内部对采样重复进行平均。针对存在目标任务的参与者，计算低样本F1分数、召回率和精确率。

增强分析在相同的仅拟合阶段缩放、验证搜索和留出测试条件下，将生成样本与不平衡训练、类别加权、抖动增强和类别模板增强进行比较。所展示的生成减不平衡F1分数对比通过参与者层面的配对检验进行评估。

统计分析

所有参与者的权重相同。会话、试次、运行、区域和帧均视为嵌套观测值，并在参与者内部汇总后再进行参与者层面的推断。保留所有符合条件的参与者，不确定性估计保留已保存的折分配和模型选择决策。

计划比较在各分析家族内进行校正。血氧水平依赖重建、视觉任务解码、独立记录解码、血红蛋白响应分析、跨域分析和数据增强分别采用相应的校正家族。

双侧参与者层面的符号翻转检验用于评估配对响应、解码和数据增强对比。配对检索和有方向性的跨域解码采用基于 1,000 次置换、条件匹配的单侧零假设检验。Holm校正控制各分析家族内的多重性。响应、解码和数据增强终点指标均附有各实验所定义的描述性相关性、召回率和精确率汇总。

分布图采用箱线图和小提琴图汇总，并在描述性计算和统计检验中纳入所有有限观测值。坐标轴界限涵盖完整的源范围及相关的机会水平或零假设参考值。图2g使用带标签的对数纵轴，以适应正值的时间标准差范围。

在所有图中，Generated 表示模型的目标域输出，Real 表示采集到的目标域观测值，而 EEG combined with Generated 表示拼接后的

脑电特征和生成目标特征。目标坐标和输出头因分析而异。Shift、Phase 和 Shuffle 分别表示循环时间移位、相位随机化和打乱的源目标配对。Cross-shuffle 和 Within-shuffle 表示血红蛋白对照，而 Permuted labels 表示标签置换后拟合的解码模型。

参考文献

[1] Friston, K. J. 功能性神经影像学中的模态、模式与模型。《科学》**326**, 399–403 (2009).[2] Erichsen, C. T., Li, D. & Fan, L. 人类脑功能解码：多模态、多尺度洞见。《创新》**5** (2024).[3] Gordon, E. M. 等。 躯体认知行动网络与运动皮层中的效应器区域交替活动。《自然》**617**, 351–359 (2023).[4] Dorkenwald, S. 等。 成年脑的神经元连接图。《自然》**634**, 124–138 (2024).[5] Jia, G. 等。 通过具有学习得到的交互模式的仿鼠机器人调节大鼠的情绪状态。《自然·机器智能》**6**, 1580–1593 (2024).[6]Endo, M. 等。 数据驱动发现神经退行性疾病中的运动相关异质性。《自然·机器智能》**6**, 1034–1045 (2024).[7] Sun, J. 等。用于认知评估的静息态脑电图自适应时空编码网络。*NPJ*数字医学**7**, 375 (2024).[8] Wang, C.等。静息态脑电图揭示的多系统萎缩频谱功率与功能连接改变。《*npj*帕金森病》(2026).[9]Li, C. 等。利用基于任务的脑电图功能连接个体化预测海洛因线索诱发的渴求。*NPJ*数字医学**9**, 568 (2026).[10]Sun, Y. 等。 基于视觉启发式预训练框架、用于临床应用的有害脑活动自动分类器。*NPJ*数字医学**8**, 768 (2025).[11] Bhargava, A. 等. Vascuviz：面向血管系统生物学的多模态、多尺度成像与可视化流程。《自然·方法》19, 242–254 (2022).[12]Lin, A. 等. 通过全脑活动成像理解行为。《自然综述：物理学》4, 292–305 (2022).[13] Rahimpour Jounghani, A. 等. 用于密集采样和精准功能性神经影像学的可穿戴功能性近红外光谱平台。《NPJ数字医学》8, 271 (2025).[14]Yeo, B. T. 等. 基于内在功能连接估算人类大脑皮层的组织结构。《神经生理学杂志》106, 1125–1165 (2011).[15] Pang, J. C. 等. 人类大脑功能的几何约束。《自然》618, 566–574 (2023).[16] Kang, K. 等. 研究设计特征提高全脑关联研究的可重复性。《自然》1–9 (2024).[17] Logothetis, N. K. 功能性磁共振成像能做什么、不能做什么。《自然》453, 869–878 (2008).[18]Yu, Y. 等. 雄性小鼠 9.4 T 下睡眠功能性磁共振成像与同步电生理学。《自然·通讯》14, 1651 (2023).[19] Cao, M. 等. 基于脑磁图重建虚拟颅内脑电图信号，有望应用于癫痫外科手术。《自然·通讯》13, 994 (2022).[20] van Breugel, B., Liu, T., Oglic, D. & van der Schaar, M. 通过生成式人工智能在生物医学领域生成合成数据。《自然综述：生物工程》2, 991–1004 (2024).[21] Baltruˇsaitis, T., Ahuja, C. & Morency, L.-P. 多模态机器学习：综述与分类体系 (2017). 1705.09406.[22] Qiao, C. 等. 光学显微镜图像超分辨率深度神经网络的评估与开发。《自然·方法》18, 194–202 (2021).[23] Zhang, Y. 等. 使用合成数据训练后，在宽视野钙成像数据集中快速检测神经元。《自然·方法》20, 747–754 (2023).

[24]Peebles, W. S. & Xie, S. 基于 Transformer 的可扩展扩散模型。IEEE国际计算机视觉会议 (2022).[25] Moor, M. 等. 面向通才型医疗人工智能的基础模型。《自然》616, 259–265 (2023).[26] Zhang, K. 等. 面向多种生物医学任务的通用视觉语言基础模型。《自然医学》30, 3129–3141 (2024).[27] Giuffr`e, M. & Shung, D. L. 利用合成数据的力量赋能医疗保健：创新、应用与隐私。《NPJ数字医学》6, 186 (2023).[28] Wang, J. 等. 用于合成医学图像生成和临床应用的自我改进生成式基础模型。《自然医学》31, 609–617 (2025).[29] Tudosiu, P.-D. 等. 保持形态真实感的大脑生成建模。《自然·机器智能》6, 811–819 (2024).[30] Li, Z. 等. 利用预训练生成模型学习时空动力学。《自然·机器智能》6, 1566–1579 (2024).[31] Yao, W. 等. CATD：用于脑电图到功能性磁共振成像跨模态生成的统一表征学习。《IEEE医学影像汇刊》(2025).[32] Lundberg, S. M. & Lee, S.-I. 载于《解释模型预测的统一方法》(编者 Guyon, I. 等)《神经信息处理系统进展》第30卷 4765–4774 (Curran Associates, Inc., 2017).[33]Fries, P., Nikoli´c, D. & Singer, W. 伽马周期。《神经科学趋势》30, 309–316 (2007).[34]Womelsdorf, T., Fries, P., Mitra, P. P. & Desimone, R. 视觉皮层中的伽马频带同步可预测变化检测的速度。《自然》439, 733–736 (2006).[35]Ramezani, M., Ren, Y., Cubukcu, E. & Kuzum, D. 通过多模态神经接口推动电生理学之外的创新。《自然综述：电气工程》1–16 (2024).[36]Mahmood, M. 等. 借助柔性头皮电子设备和深度学习算法实现完全便携式无线通用脑机接口。《自然·机器智能》1, 412–422 (2019).[37] Haghi, B. 等. 四肢瘫痪参与者通过神经网络介导的特征提取增强脑机接口控制。《自然·生物医学工程》1–18 (2024).[38]Degenhart, A. D. 等. 通过对齐神经活动低维空间来稳定脑机接口。《自然·生物医学工程》4, 672–685 (2020).[39]Willsey, M. S. 等. 为一名瘫痪患者设计的高性能脑机接口，可用于手指解码和四旋翼无人机游戏控制。《自然医学》1–9 (2025).[40] Zheng, Q.等. 放射影像上的大规模长尾疾病诊断。《自然·通讯》15, 10147 (2024).[41]Chen, X. 等. 一种利用深度学习和语音合成的神经语音解码框架。《自然·机器智能》1–14 (2024).[42] Wang, A. Y., Kay, K., Naselaris, T., Tarr, M. J. & Wehbe, L. 借助大型多样化数据集上的自然语言监督，构建出更优的人类高级视觉皮层模型。《自然·机器智能》*style>5*, 1415–1426 (2023).[43] Xue, C. 等. 基于多模态数据的人工智能痴呆病因鉴别诊断。《自然医学》1–13 (2024).[44] Liu, X.等. 用于疾病诊断辅助的通用医学语言模型。《自然医学》1–11 (2025).[45] Telesford, Q. K. 等. 一个采用同步脑电图-功能性磁共振成像进行自然情境观看的开放获取数据集。《科学数据》10, 554 (2023).[46] Shin, J. 等. 用于脑电图+近红外光谱单试次分类的开放获取数据集。*IEEE*神经系统与康复工程汇刊25, 1735–1745 (2017).

[47]Deligianni, F., Carmichael, D. W., Zhang, G. H., Clark, C. A. & Clayden, J. D. NODDI和基于张量的微结构指标可作为功能连接的预测因子。*PLOS ONE***11**,e0153404 (2016).[48]Deligianni, F., Centeno, M., Carmichael, D. W. & Clayden, J. D. 跨频带关联静息态功能磁共振成像与脑电图全脑连接组。*Frontiers in Neuroscience***8**,258 (2014).
[49] Cavanagh, J. F. 脑电图：帕金森病患者的3刺激听觉奇异刺激和静息态数据。可在OpenNeuro获取（2021）。网址
h
t
tps://doi.org/10.18112/openneuro.ds003490.v1.1.0。
[50] Reuter, M., Schmansky, N. J., Rosas, H. D. & Fischl, B. 用于无偏纵向图像分析的受试者内模板估计。*NeuroImage***61**, 1402–1418(2012).[51] Logothetis, N. K., Pauls, J., Augath, M., Trinath, T. & Oeltermann, A. 对功能磁共振成像信号基础的神经生理学研究。《自然》**412**, 150–157(2001).[52] Jiang, W.-B., Zhao, L.-M. & Lu, B.-L. 利用大量脑电图数据学习通用表征的大脑模型：脑机接口（2024）。第十二届国际学习表征会议，2405.18765。
[53] Sudlow, C. L. M. 等. 英国生物银行：一个开放获取资源，可用于识别中老年人多种复杂疾病的病因。*PLOS Medicine***12**,e1001779 (2015).[54] Destrieux, C., Fischl, B., Dale, A. & Halgren, E. 使用标准解剖学命名法自动分区人类皮层脑回和脑沟。*NeuroImage***53**,1–15(2010).