**《“自我参照”神经成像研究的认知本体论数据库》的补充方法与结果**

**孙淑婷1，王楠2，温佳慧1，胡传鹏1\***

1. 南京师范大学心理学院，南京 210024

2. 南京师范大学外国语学院，南京 210024

\* 论文通信作者：胡传鹏（hu.chuan-peng@nnu.edu.cn）

Supplementary methods and results for

**A cognitive ontology database for neuroimaging studies of "self-reference"**

**Sun Shu-Ting1, Wang Nan2, Wen Jia-Hui1, Hu Chuan-Peng1\***

1. School of Psychology，Nanjing Normal University，210024 Nanjing, China

2. School of Foreign Languages and Cultures, Nanjing Normal University，210024 Nanjing, China

\*Email: hu.chuan-peng@nnu.edu.cn

补充材料目录

[1 补充方法 2](#_Toc116113482)

[2. 补充结果 2](#_Toc116113483)

[参考文献 3](#_Toc116113484)

## **1. 补充方法**

为展示本数据库中神经成像坐标点数据的优势，本文采用激活可能性估计法（Activation Likelihood Estimation，ALE）对本数据库中的数据进行元分析。ALE元分析的其基本原理是：以激活峰值为中心，将坐标点还原成3D高斯分布球体；体素越靠近激活峰值点，其激活的可能性越高，反之则越低[1]；随后对所有坐标点所还原形成的激活可能性在体素水平进行叠加。最后通过置换检验的方法进行统计检验。感兴趣的读者可以参考胡传鹏等[2]和Eickhoff等[3]的相关文献。

本研究的文献检索中包括675篇文献，通过筛选后纳入66篇文献（见正文）。其中，65篇文献含有元分析所需坐标点，最终选择83个基于控制条件的实验结果进入元分析。

正文图5B的结果采用Eickhoff课题组的Matlab ALE分析代码进行分析，对ALE进行统计检验的设置如下：置换检验中进行10 000次随机，采用cluster-level familywise error rate[3]进行多重比较校正，体素水平上显著性阈限为*p* < 0.05，形成cluster的显著性阈值为0.001。Neurosynth采用错误发现率（false discovery rate, FDR）,设置*p* < 0.01为阈值，进行元分析[5]。由于NeuroQuery是为了综合文献的信息得到稳定的结果[6]，对单个术语的变化不敏感。例如在Neuroquery搜索“self referential”，其结果表明，“大脑默认网络（DMN）”这一术语对预测图的贡献最大（高达1），相反，“self”和“referential”贡献占比均小于0.01，这可能反映了当前认知神经科学中研究者在大量的文字讨论中将DMN与自我参照共同使用。因此，NeuroQuery的结果不合适作为元分析的结果与本文进行比较，仅在本补充材料中进行呈现（图S1）。

元分析结果的可视化采用BrainNet Viewer[7]，通过SPM Anatomy Toolbox工具包[8]标记显著激活的簇所在的脑区解剖位置，利用脑成像数据处理和分析工具包DPABI 6.1[9]导出具体的激活脑区的解剖名称。比较图S1和图5 B可以发现，NeuroQuery的结果涉及脑区范围较大，但本数据库的结果更精细。使用Matlab进行元分析的结果表明，控制条件的差异对自我参照效应的脑网络有显著的影响，正文见图5中的C、D、E和表1。

## **2. 补充结果**



**补充材料 图S1** **NeruroQuery预测的结果图。**

**Supplementary Figure 5 Predicted distribution of activations from NeruroQuery.**



**参考文献**

[1] Turkeltaub, P. E., Eden, G. F., Jones, K. M., & Zeffiro, T. A. (2002). Meta-analysis of the functional neuroanatomy of single-word reading: Method and validation. NeuroImage,

16(3), 765–780.doi: 10.1006/nimg.2002.1131

[2] 胡传鹏, 邸新, 李佳蔚, 隋洁, 彭凯平, (2015). 神经成像数据的元分析. 心理科学进展, 23(7), 1118. <https://doi.org/10.3724/SP.J.1042.2015.01118>[HU Chuanpeng; DI Xin; LI Jiawei; SUI Jie; PENG Kaiping. (2015). Meta-analysis of Neuroimaging Studies. Advances in Psychological Science, 23(7), 1118-1129.]

[3]

[4]

[5] YARKONI T, POLDRACK R A, NICHOLS T E, et al. Large-scale automated synthesis of human functional neuroimaging data[J/OL]. Nature Methods, 2011, 8(8): 665-670. DOI:10.1038/nmeth.1635.

[6] DOCKÈS J, POLDRACK R A, PRIMET R, 等. NeuroQuery, comprehensive meta-analysis of human brain mapping[J/OL]. eLife, 2020, 9: e53385. DOI:10.7554/eLife.53385.

[7] Xia, M., Wang, J., & He, Y. (2013). BrainNet Viewer: a network visualization tool for human brain connectomics. PloS one, 8(7), e68910. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0068910>

[8] Eickhoff S, Stephan KE, Mohlberg H, Grefkes C, Fink GR, Amunts K, Zilles K: A new SPM toolbox for combining probabilistic cytoarchitectonic maps and functional imaging data. NeuroImage 25(4), 1325-1335, 2005. DOI: 10.1016/j.neuroimage.2004.12.034

[9] Yan, C.G., Wang, X.D., Zuo, X.N., Zang, Y.F., 2016. DPABI: Data Processing & Analysis for (Resting-State) Brain Imaging. Neuroinformatics 14, 339-351. doi: 10.1007/s12021-016-9299-4.