

NIRS-KIT V3.0

用户使用手册

2023 年 8 月发布

认知神经科学与学习国家重点实验室
IDG/麦戈文脑研究所

北京师范大学，北京

目录

版本更新.....	1
1. 引言.....	2
2. 安装与启动.....	3
2.1 安装要求.....	3
2.2 安装.....	3
2.3 启动.....	3
3. NIRS-KIT 概述	4
4. 任务态 fNIRS 数据分析.....	5
4.1 数据准备.....	5
4.2 数据预览和组块/事件平均	15
4.3 预处理.....	22
4.4 个体水平分析.....	23
4.5 组水平统计.....	31
4.6 结果可视化.....	37
5. 静息态 fNIRS 数据分析	42
5.1 数据预处理.....	42
5.2 数据预览与质量控制.....	42
5.3 预处理.....	43
5.4 个体水平分析.....	44
5.5 组水平统计.....	49
5.6 结果可视化.....	50
参考文献.....	57

版本更新

—— **NIRS-KIT V3.0** 于 2023 年 8 月更新，新增几项重要功能并对软件进行了完善。 我们希望这些更新可以给用户带来更大的帮助和更好的体验。

更新 1: 在 Data Viewer 界面中自由标记（或取消）异常通道（见第 [4.2.1 节](#)）。

更新 2: 任务态实验组块/事件平均（见第 [4.2.2 节](#)组块/事件平均）。

更新 3: 任务态实验设计信息 mat 文件的界面化制作（见第 [4.4 节](#)任务设计 mat 文件制作）。

更新 4: 支持将所有被试个体水平分析指标整合为单个文件用于自主分析和结果展示（见第 [4.5 节](#)个体指标整合）。

1. 引言

NIRS-KIT (Hou et al., 2021) 是一个基于 MATLAB 的跨平台工具箱，用于任务态和静息态 fNIRS 数据分析，具有用户友好的 GUI。该工具箱包含了整个数据分析流程，包括原始数据格式转换、数据预览和数据质量检查、预处理、个体水平分析、组水平统计和结果可视化。

该工具箱已在安装了 MATLAB 的各种操作系统下成功测试，包括 Windows、Linux 和 Mac OS 系统。

参考文献:

Hou, X., Zhang, Z., Zhao, C., Duan, L., Gong, Y., Li, Z., Zhu, C., 2021. NIRS-KIT: a MATLAB toolbox for both resting-state and task fNIRS data analysis. *Neurophotonics* 8.
<https://doi.org/10.1117/1.NPh.8.1.1010802>

Copyright © 2019, Xin Hou, Zong Zhang, Chaozhe Zhu. National Key Laboratory of Cognitive Neuroscience and Learning, IDG/McGovern Institute for Brain Research, Beijing Normal University, Beijing, 100875, China.

联系邮箱: houxin_psy@cqnu.edu.cn 或者 houxin195776@mail.bnu.edu.cn

2. 安装与启动

2.1 安装要求

- **Matlab:** Matlab R2012a 或更高版本
- **NIRS-KIT:** 下载地址 <https://www.nitrc.org/projects/nirskit/>.
- **SPM12:** if it is not at your Matlab search path (you can type “**which spm**” in the Matlab command window to confirm it), please add. You can get it from <https://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/software/spm12/>.
- 如果 Matlab 搜索路径中没有 SPM12 (可以在 Matlab 命令窗口中输入“**which spm**”进行确认），需要将其添加至 Matlab 的搜索路径； SPM12 下载地址：
<https://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/software/spm12/>

2.2 安装

——解压 NIRS-KIT 文件夹，并将其添加到 Matlab 搜索路径。在 Matlab 文件->设置路径->添加子文件夹；

——然后选择 NIRS-KIT 目录；

——点击“Save”，然后“Close”；

- 如果 Spm12 不在 Matlab 搜索路径中，则对其进行相同的操作。

2.3 启动

需启动 NIRS-KIT，在 Matlab 命令窗口中键入（必须使用大写字母）；

```
>> NIRS_KIT
```

然后，NIRS-KIT 的 GUI 界面（图 2.1）会出现在屏幕上。

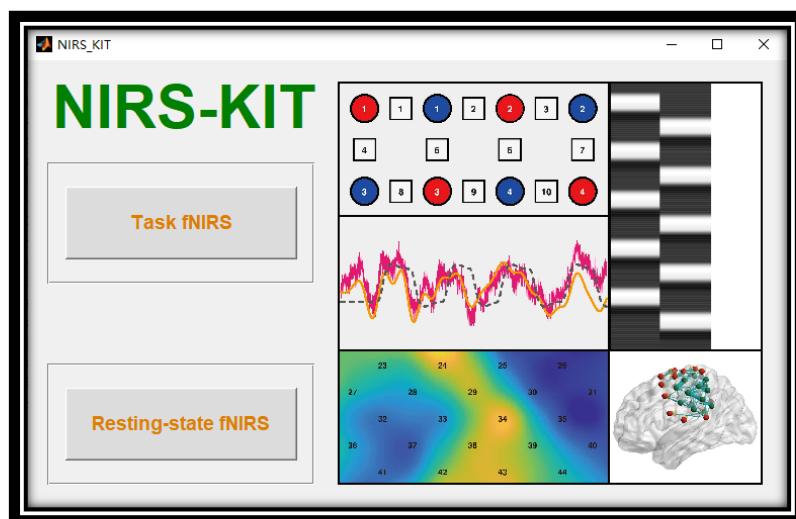


图 2.1 NIRS-KIT 主界面

3. NIRS-KIT 概述

NIRS-KIT 有两个主要分析模块：静息态 fNIRS 分析模块和任务态 fNIRS 分析模块（图 2.1）。NIRS-KIT 的 fNIRS 数据分析流程如图 3.1 所示。该流程包括 fNIRS 数据分析的常见和必要的处理步骤，数据准备、数据质量检查、预处理、个体水平分析、群组水平统计和结果可视化。

对于静息态 fNIRS 的个体水平分析、支持 FC 分析、ALFF 和 fALFF，以及基于图论的网络分析，以研究大脑网络的复杂拓扑特性（如局部或全局效率）。在任务态 fNIRS 的个体水平分析中，使用一般线性模型（GLM）来检测任务激活。

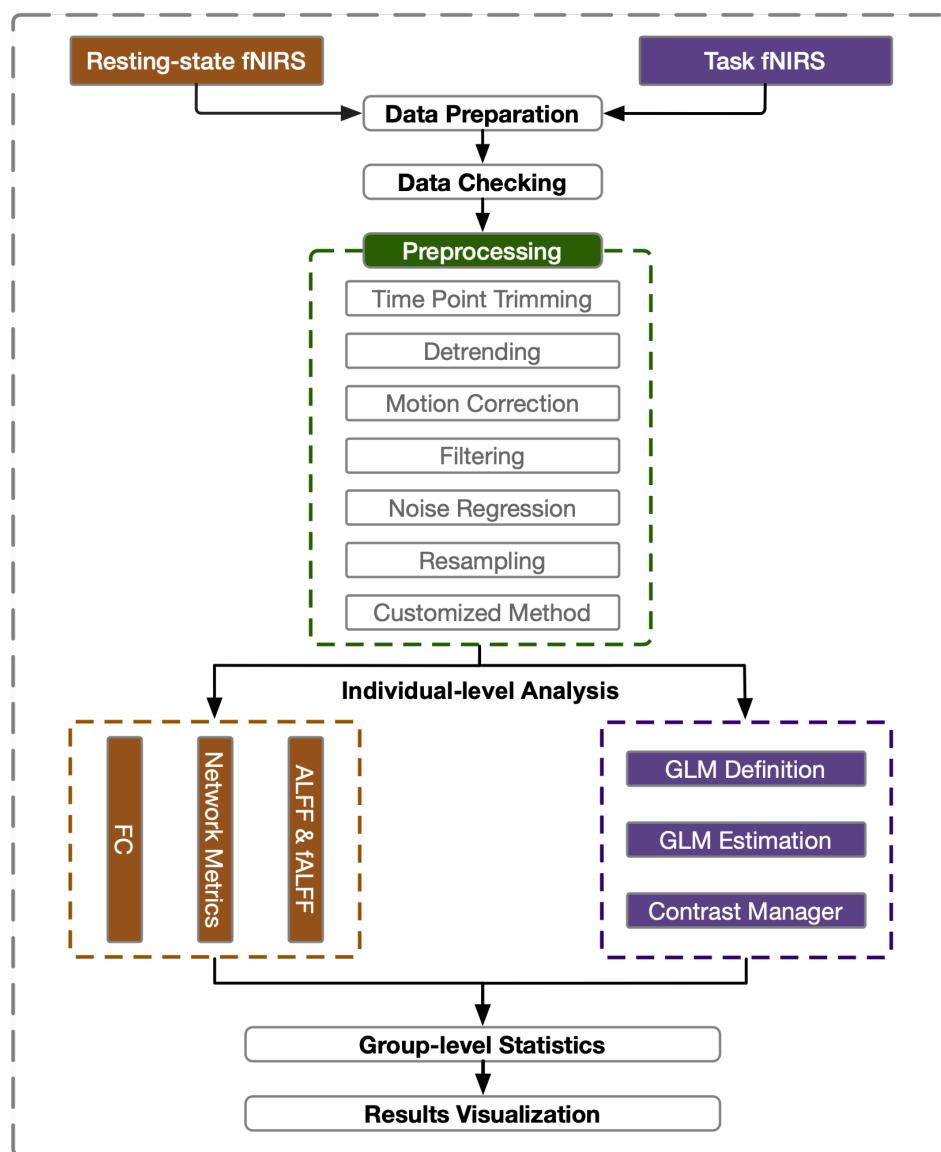


图 3.1 NIRS-KIT 主要处理流程。FC：功能连接性；GLM：一般线性模型；ALFF 低频振幅；和 fALFF、比率 ALFF。

4. 任务态 fNIRS 数据分析

NIRS-KIT 中的任务态 fNIRS 模块（图 4.0）提供数据准备、数据质量检查、预处理、个体水平激活分析、群组水平统计和结果可视化等主要功能。

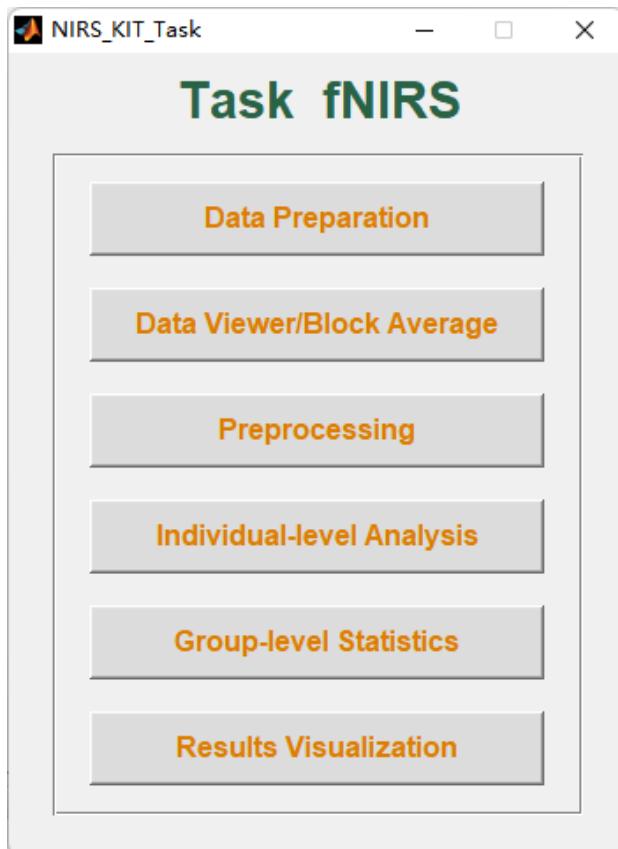


图 4.0 任务态 fNIRS 模块主界面

4.1 数据准备

在 fNIRS 实验中得到不同的数据，首先需要将数据导入分析工具包。最重要的数据是原始 fNIRS 信号时间序列，是氧合血红蛋白 (HbO)、脱氧血红蛋白 (HbR) 和/或总血红蛋白 (HbT) 的相对浓度变化。此外，对于信号数据系列，fNIRS 记录的空间信息（主要包括二维 (2D) 或三维 (3D) 中的光极和通道位置）对于某些分析、结果可视化、数据共享和发布也非常重要。因此，我们设计了 NIRS-KIT 数据格式[使用数据准备模块(图 4.1)存储在 MATLAB.mat 文件中]，该格式不仅包括时间序列信号，还包括 MNI 坐标中关于光极组几何结构和发射光极、接收光极和通道位置的标准坐标的空间信息。

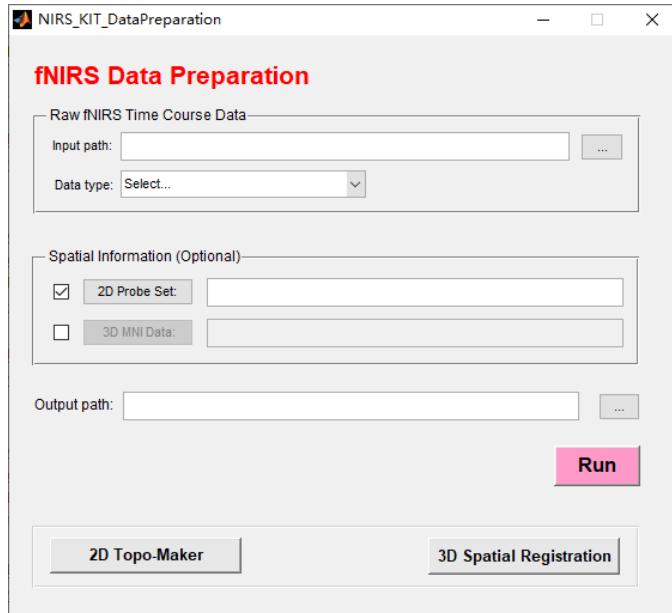


图 4.1 NIRS-KIT 数据准备主界面

4.1.1 时间信号的准备（血红蛋白浓度）

fNIRS 时间序列数据以不同的格式从不同的商业设备中采集到。一些设备仅输出原始光强度数据 (OD)，一些设备支持使用内部转换功能计算相对血红蛋白浓度变化 (HB)。不同的 fNIRS 记录系统使用不同的输出格式 (如.txt 和.csv)。这些不一致的数据格式给后续分析带来困难，因此需要血红蛋白浓度的统一格式。

NIRS-KIT 为不同 fNIRS 数据源提供时间序列准备功能 (图 4.1.1)。如果是从日立 ETG4000/7000 (.csv) 或 NIRX (.wl1 和.wl2) 采集到原始光强度数据，则可首先将其转换为光密度数据，然后通过修正的 Beer-Lambert 定律 (Cope and David T. Delpy, 1988)。转换后的血红蛋白浓度数据将以 NIRS-KIT 数据格式保存。如果直接从日立 ETG4000/7000 (.csv) 或岛津 LABNIRS (.txt) 设备得到转换后的血红蛋白浓度变化数据，将对其进行转换，并以 NIRS-KIT 支持的格式保存。

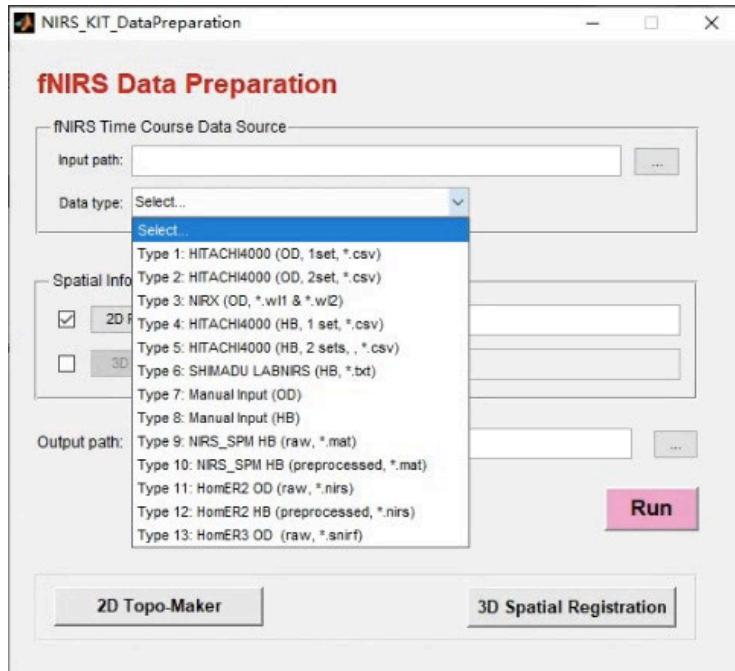


图 4.1.1 NIRS-KIT 数据准备与支持的数据格式的主界面

- 1) 点击“...”选择在顶部面板“fNIRS Time Course Data”中的“*Input path*”（见图 4.1.1）。NIRS-KIT 包中提供了几个原始样例数据
[参见...\\NIRS_KIT\\Sample_Data\\Temp_DataSource。]

注意：每个被试的所有原始 fNIRS 时间序列数据文件应放在一个文件夹中

- 2) 点击下拉框选择原始“*Data Type*”（见图 4.1.1）
OD: 原始光强度数据；
HB: 相对血红蛋白浓度变化数据。

注意：当要使用 Type11 和 Type12 准备 fNIRS 数据时，应将 Homer2 工具箱添加到 Matlab 搜索路径中。这样需要在您可能发表的学术论文中引用此文章(Huppert et al., 2009)。

- 3) 点击“...”选择“*Output path*”以保存输出数据；
- 4) 点击“*Run*”。几分钟后，在输出文件夹中生成得到的文件。

如果记录系统不在上述系统中，NIRS-KIT 还提供手动输入功能，以生成所需的数据格

式。这里使用者只需根据工具箱中包含的样本文件中的格式（...\\NIRS_KIT\\Sample_Data\\Temp_DataSource\\Manual Input），将其原始数据（光密度数据或血红蛋白浓度数据）重新组织为特定格式（.csv）。

NIRS-KIT 与两个常用的 fNIRS 数据分析工具包具有良好的兼容性。NIRS-SPM (.mat) 或 HomER2 (.NIRS) 的原始和预处理后的 fNIRS 时间进程数据，NIRS-KIT 支持读取和保存这些数据格式。

4.1.2 空间信息准备 (光极板设置)

通道的几何形状对于检查时间进程信号和结果可视化非常有用，特别是在采用复杂或不规则光极排布设计时。NIRS-KIT 在工具包的样例文件夹中提供了几种标准光极设置（包括标准 3×3 、 3×5 、 $3 \times 5 \times 2$ 、 3×11 和 4×4 光极排布）。

[可选但推荐]：如果希望将光极组信息与原始 fNIRS 时间进程数据集成到一个 NIRS-KIT 格式文件 (.mat) 中，在选择原始 fNIRS 时间进程文件夹和相应数据类型后请：

- 1) 选中“2D Probe Set”以添加光极组文件 (*.mat)：标准光极组文件位于样例文件夹中（...\\NIRS_KIT\\Sample_Data\\Temple_2D_Probeset）；
- 2) 点击“Run”执行 fNIRS 数据整合；

如果没有合适的光极排布文件，使用者可以使用“Topomaker”模块以简单灵活的方式生成包含任意排列的发射极和接收极的自定义光极设置文件。点击 fNIRS 数据准备主界面（图 4.1）中的“2D Topo-maker”打开（见图 4.1.2.1）。

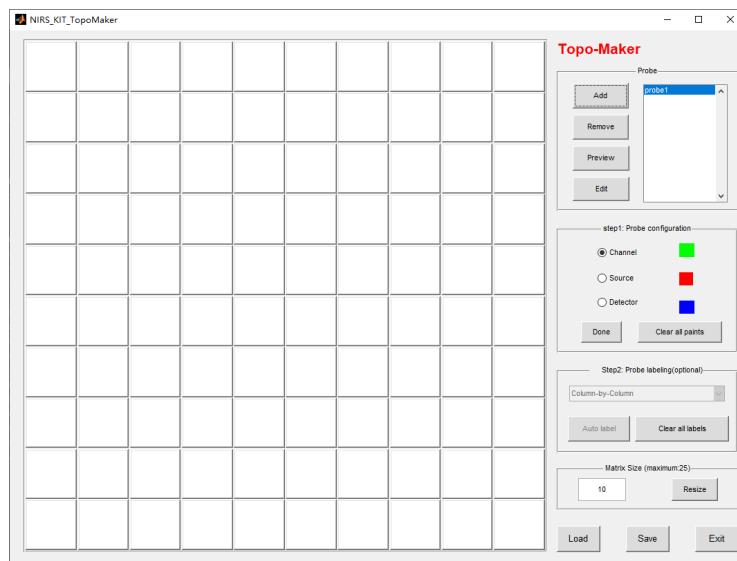


图 4.1.2.1 TNIRS-KIT Topo-maker 主界面

- 3) 点击“Add”以创建新的光极组：（如果有多个单独的光极排布，请重复此操作进
8

行添加)；

4) 光极板配置:

- 设置空白画布的方形矩阵密度：默认值（10x10）。如有必要，可调整矩阵的大小；
- 在“Probe configuration”中切换画笔，然后点击并为相应的方块着色（见图 4.1.2.2）。**红色**: 发射极；**蓝色**: 接收极；**绿色**: 通道；
- c) 点击“*Done*”锁定光极配置面板，并激活光极标签面板(可以通过点击“*Edit*”解锁光极配置)。

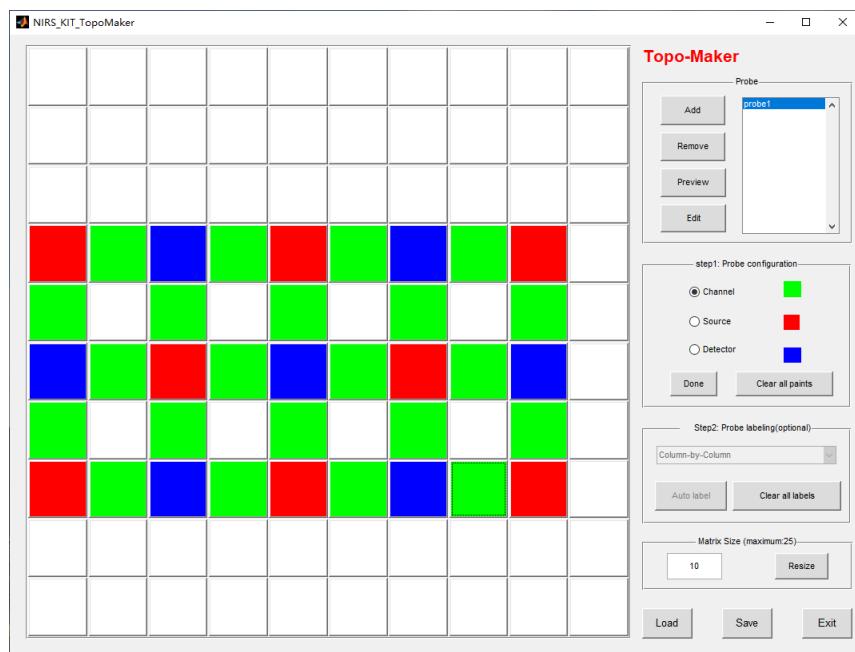


图 4.1.2.2 NIRS-KIT Topo-maker 光极板配置

5) 光极标签:

有两种方法可以标记光极和通道：

■ 自动标注:

选择“Row-by-Row”或者“Column-by-Column”；点击自动标注。

■ 手动标注:

点击相应的方块，在弹出窗口输入或修改数字(如图 4.1.2.3);

6) 完成上述所有设置后，点击“*save*”将当前光极组配置保存为 mat 文件。

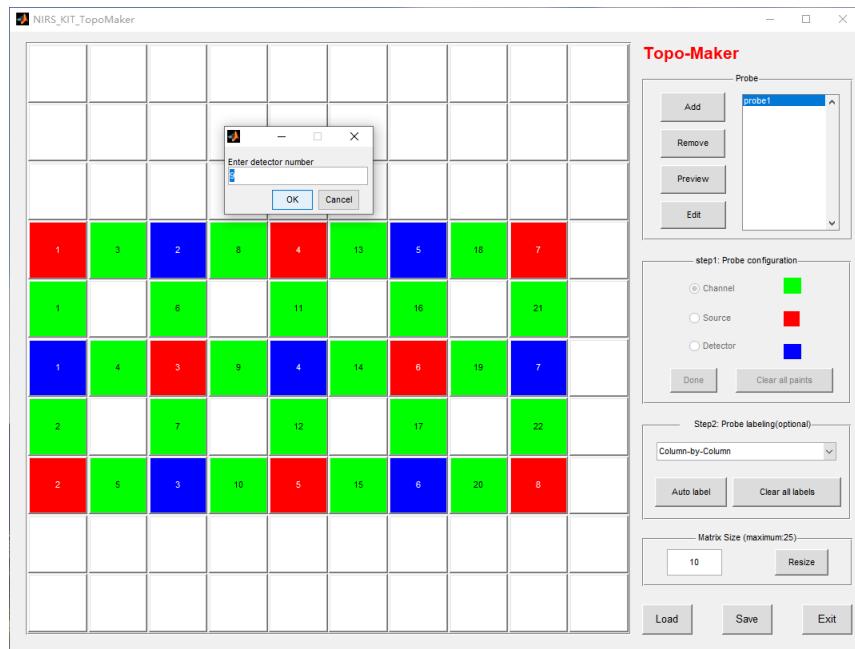


图 4.1.2.3 NIRS-KIT Topo-maker 光极/通道标记

注意:

- ✓ 如果多个单独的光极组覆盖了感兴趣的区域，编辑所有光极，然后将其保存到一个 mat 文件中（见图 4.1.2.4）；
- ✓ 在编辑过程中，可以及时点击“Preview”查看（见图 4.1.2.5）；
- ✓ 可以通过点击“Load”加载已保存的光极组文件，然后点击“Edit”重新编辑。

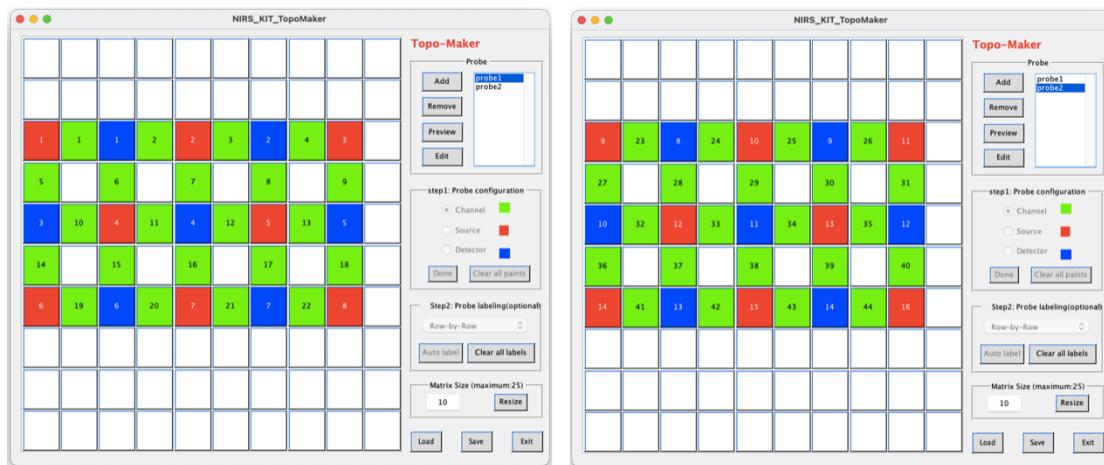


图 4.1.2.4 多光极配置示例，显示设置为 3x5x2 光极组.

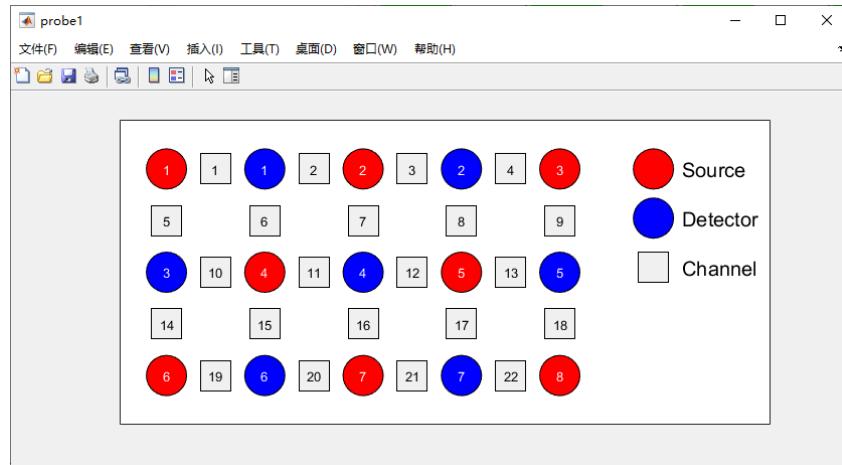


图 4.1.2.5 NIRS-KIT Topo maker 中 3x5 光极组的预览结果

4.1.3 标准脑空间中空间信息的准备

标准脑空间 (MNI 空间) 中的 3D 信息，包括光极和通道的空间位置，对于结果解释、脑空间可视化以及发表以重复和元分析都非常重要。

[可选]: 如果在 MNI 空间中输入空间坐标，并且希望将其整合到 NIRS-KIT 格式文件中。首先，每个被试的 MNI 坐标应放入固定格式的 .mat 文件中（请参见...\\NIRS_KIT\\sample_Data\\Temp_3D_Localization\\Output\\MNI_Coordinates 中的示例文件）。选择原始 fNIRS 时间进程文件夹和相应的数据类型(添加或不添加光极组文件)后，请：

- 选中“3D MNI Data”以添加包含固定格式 MNI 坐标文件的文件，**注意：如果该文件中包含了每个被试对应的不同 MNI 信息 mat 文件，请保证每个被试的 MNI 信息文件的名称与加载的时间序列数据的名称相同。**
- 点击“Run”执行 fNIRS 数据整合。

如果从 3D 数字化仪得到的实际坐标信息不可用，也可以使用 NFRI 工具包通过空间配准从实际坐标生成 MNI 坐标 (Singh et al., 2005); 点击数据准备模块主界面中的“Spatial Registration”，打开下面的 GUI (见图 4.1.3.1)。

有两种空间配准方法可用：1) 基于 NFRI 的配准 (Singh et al., 2005); 2) 基于 TBA 的配准 (Xiao et al., 2018)。

4.1.3.1 基于 NFRI 的空间配准

如果使用这种方法得出结果，还请引用下面的文章：

Singh, A.K., Okamoto, M., Dan, H., Jurcak, V., Dan, I., 2005. Spatial registration of multichannel multi-subject fNIRS data to MNI space without MRI. Neuroimage 27, 842–851. <https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2005.05.019>

对于基于 NFRI 的配准，需要两种类型的输入文件（见图 4.7.1）： “origin” 文件包含参考点的实际坐标； 2) “others” 文件包含通道和光极位置的实际坐标。基于 NFRI 空间配准的示例文件存储在： ...\\NIRS_KIT\\Sample_Data\\Temp_3D_Localization\\Raw_Localization_Data\\NFRI_Based\\;

- 1) 点击 “*Add reference file path:*” 添加 “origin” 文件所在的文件夹，然后点击 “*Add ch & opt file path:*” 添加 “*others*” 文件所在的文件夹；
- 2) 设置输出路径；
- 3) 如果选择方法 1（基于 NFRI 的配准），则选择是否 “*Skip Reference Check*” ；
- 4) 点击 “*Run*” 以执行空间配准。

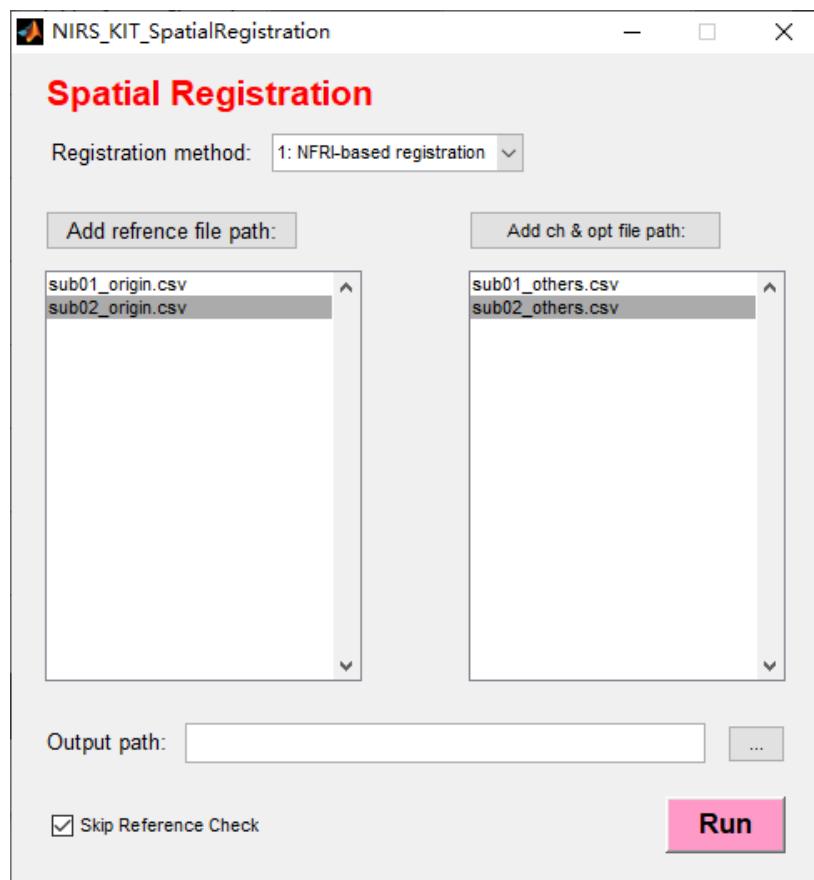


图 4.1.3.1 基于 NFRI 的 NIRS-KIT 空间配准

注意: 对于选择的基于 NFRI 的配准, 在 origin.csv 文件中, 至少给出了四个参考点(Nz、Lz、AL、AR, 如果包括 Cz 会更好)。

4.1.3.2 基于 TBA 的空间配准

如果使用这种方法得出结果, 还请引用下面的文章:

Xiao, X., Yu, X., Zhang, Z., Zhao, Y., Jiang, Y., Li, Z., Yang, Y., Zhu, C., 2018. Transcranial brain atlas. Sci. Adv. 4, eaar6904. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aar6904>

对于基于 TBA 的配准, 需要两种输入文件(见图 4.1.3.2): 1) “**landmark_sparse**”文件包含头皮重构和 CPC 系统构建所需的 landmark 和稀疏点的实际坐标。注意: 在此文件中, 需要四个坐标点(Nz、Lz、AL、AR)和至少 21 个稀疏点(每个稀疏点的名称可以是任意的, 甚至可以是空的)。此外, 收集这些稀疏点时, 请确保稀疏点均匀、离散地分布在头皮上; 2) “**opt_ch**”文件包含测量通道位置的实际坐标(带或不带电极位置)。基于 NFRI 配准的示例文件在 ...\\NIRS_KIT\\Sample_Data\\Temp_3D_Localization\\Raw_Localization_Data\\TBA_Base.dl。

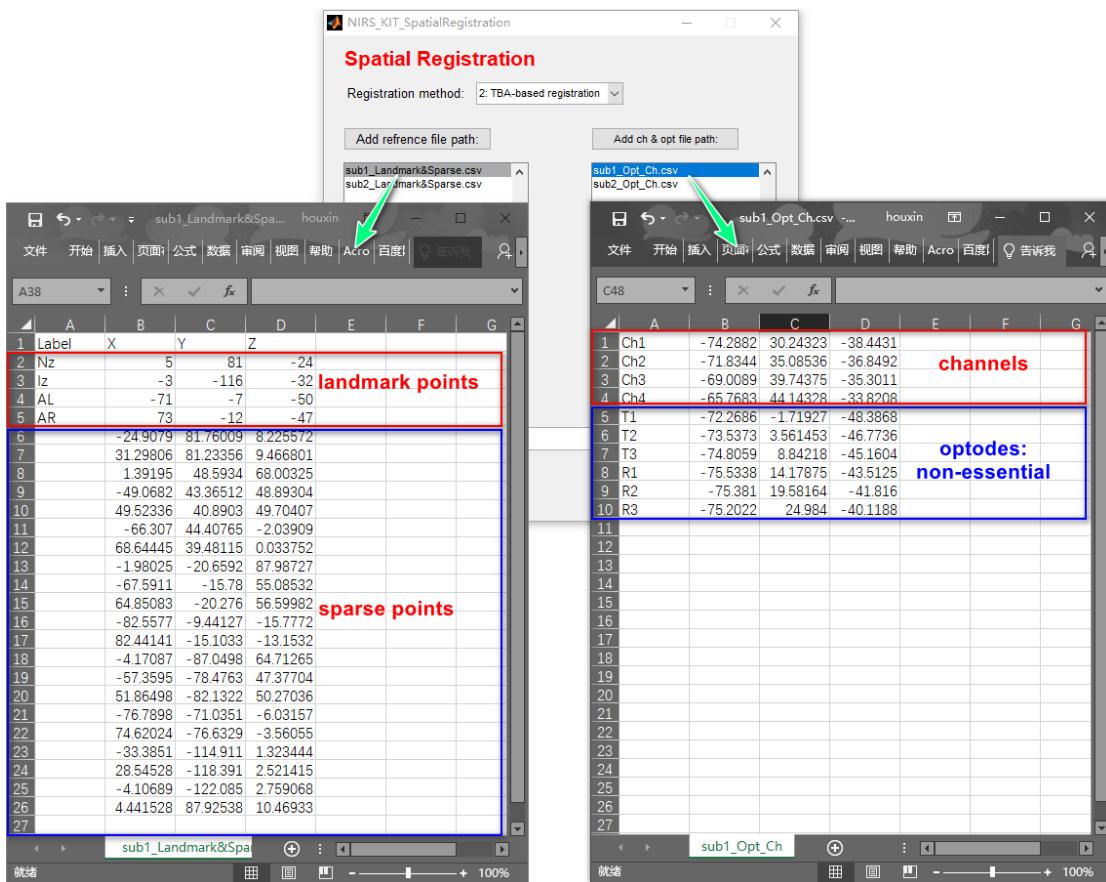


图 4.1.3.2 NIRS-KIT 空间配准：基于 TBA 的配准

- 1) 点击 “*Add reference file path:*” 添加 “origin” 文件所在的文件夹，然后点击 “*Add ch & opt file path:*” 添加 “others” 文件所在的文件夹；设置输出路径；
- 2) 设置输出路径；
- 3) 点击 “*Run*” 以执行空间配准。几分钟后，将在输出文件夹中生成 (MNI_Coordinates && Anatomical_Label) 文件。

注意：对于选择的基于 NFRI 的配准，在 origin.csv 文件中，至少给出了四个参考点(Nz、Lz、AL、AR，如果包括 Cz 会更好）。

- MNI_Coordinates 文件包含每个被试的输出 MNI 坐标文件。
- Anatomical_Label 文件夹包含每个光极或通道的解剖分区标签和对应的概率（如果是使用基于 TBA 方法的结构配准最大概率的脑区标签，则只报告每个光极或通道对应的最大概率的脑区标签）。软件提供了如下三种解剖脑区标签：

- 1) 解剖学标记 (AAL, Tzourio-Mazoyer et al., 2002);
- 2) Brodmann 分区；
- 3) LONI P 概率脑图谱 (LPBA40, Shattuck et al., 2008).

4.1.4 NIRS-KIT 输出文件格式及结构

Field	Value	Max	Min
oxyData	<4343x44 double>	0.4209	-0.58...
dxyData	<4343x44 double>	0.1957	-0.44...
totalData	<4343x44 double>	0.2648	-0.63...
T	0.1000	0.1000	0.1000
nch	44	44	44
probeSet	<1x2 cell>	0	0
exception_channel	<1x44 double>	1	0
vector_onset	<4343x1 double>		
subject	'Sub01'		
system	'HITACHI'		
probe2d	<1x2 cell>		
probe3d	<1x2 cell>		

图 4.1.4 fNIRS 数据整合后输出文件的数据结构“oxyData”、“dxyData”和“totalData”：三种不同血红蛋白浓度信号的时间进程(时间点×通道)。T: 采样周期, 采样频率=1/T; nch: 通道总数; 在 fNIRS 数据准备中, “2D Probe Set” 和 “3D MNI data” 是可选的。如果没有添加, 则整合后数据中的 probe2d 和 probe3d 为空。

4.2 数据预览和组块/事件平均

4.2.1 Data Viewer

在正式 fNIRS 数据分析之前, 需要预览原始数据以查看特征并检查数据质量, 例如检查生理噪声、时域、频域或空间特征的头部运动伪迹。数据预览和检查不仅可以帮助我们识别某个被试的 fNIRS 数据质量, 还可以帮助我们确定后续预处理的参数。NIRS-KIT 任务数据查看模块(图 4.2.1.1)提供了丰富的数据检查功能, 包括显示时域信息(时间序列)、频域信息(频谱分布)、原始数据和预处理后数据之间的比较。特别是对于任务态 fNIRS 数据, 提供了频谱信息、预处理选项, 并为任务态 fNIRS 数据绘制参考波。

NIRS-KIT 用户使用手册

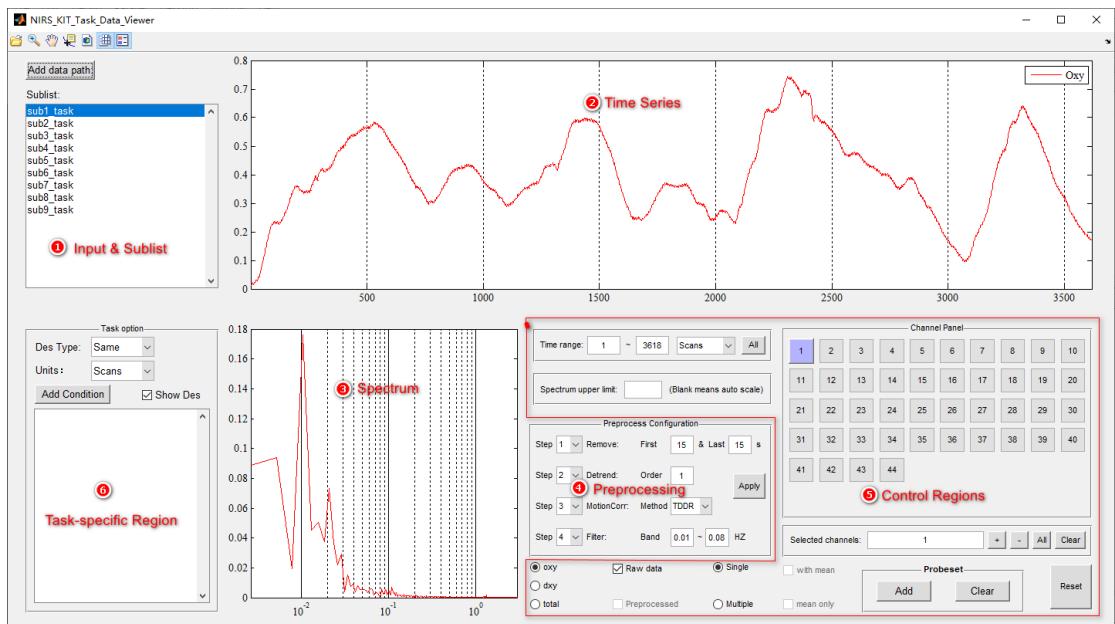


图 4.2.1.1 NIRS-KIT 任务态 Data Viewer 主界面

使用方法:

- 1) 点击“Add data path”: 选择包含以 NIRS-KIT 格式保存的数据的数据文件夹(.mat, 请参阅上文第 4.1 节), 文件夹中的文件将显示在 Sublist 面板上; 然后, 绘制第一个被试者的一号通道的含氧数据(默认值);
 - a. 在时间序列面板中, x 轴表示时间点(单位可以在秒和采样点之间任意切换), 左侧 y 轴表示血红蛋白浓度变化量;
 - b. 在频谱面板中, x 轴是频率分量(Hz), y 轴代表每个频率分量的幅值。
- 2) 可以设置预处理参数, 然后点击 “Apply” 对原始数据进行预处理。可
- 3) 以通过同时显示原始数据与预处理后的数据进行比较(见图 4.2.1.2)。并通过调整确定最终的预处理参数;
- 4) 此外, 还可以根据需要自由更改显示模式(参阅表 4.2.1)。

NIRS-KIT 用户使用手册

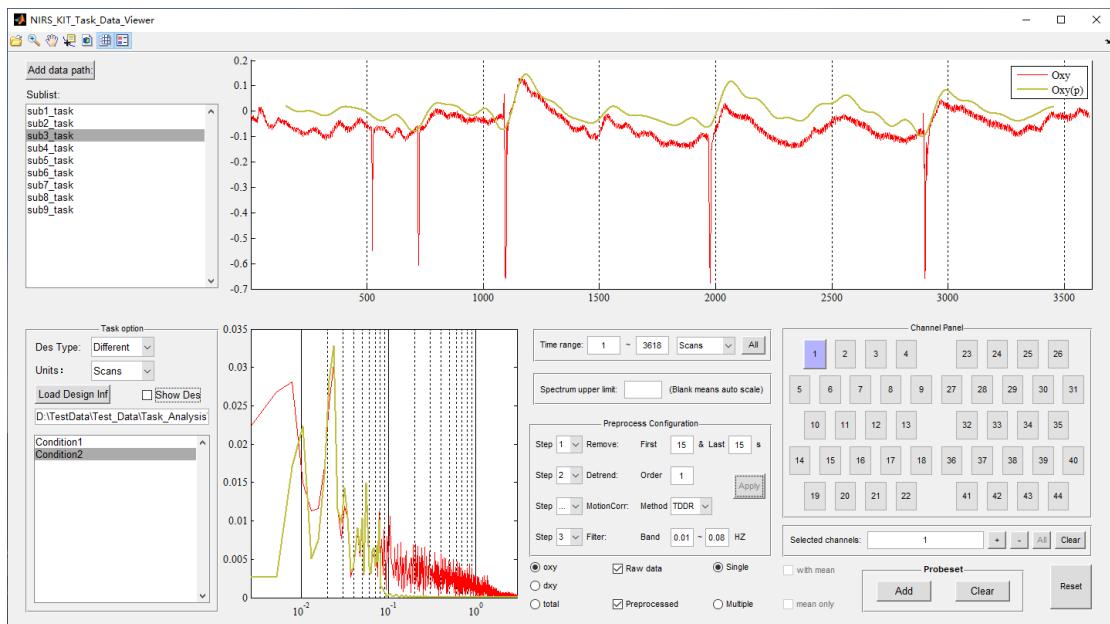


图 4.2.1.2 NIRS-KIT Data Viewer: 原始、预处理后的时间序列的比较

表 4.2.1 Data Viewer 界面中控件的功能说明

	Control Name	Appearance	Function
Toolbar	Zoom		放大或缩小时间序列或频谱轴
	Move		移动图形到指定的屏幕位置
	Data cursor		在数据光标位置显示数据值
	Color schemes		在多通道模式下，可以点击“配色方案切换”按钮更改多条时间序列线或频谱线的颜色。
	Gridline		显示或隐藏网格线
	Legend control		显示或隐藏图形图例
Channel control options	Channel selection panel		通过点击相应的按钮选择或反选通道 注意：如果输入数据有 2D 光极布排信息，则通道排列模式将按原样显示。否则，通道将从小到大排列，不显示实际的相对空间排列模式(可以通过点击底部的“ProbeSet add”) (ProbeSet 添加) 来添加 2D 光极组信息
	Display & input the selected channels	Selected channels: <input type="text" value="1 3"/>	(1) 显示所选通道；(2) 通过输入相应的通道编号选择某个通道，然后按“回车”
	Increase/Reduce the selected channel number		注意：只能在单通道模式下使用
	Select all channels		选择要显示的所有通道。注意：只能在多通道模式下使用
	Clear selected channels		清除所有选定通道
	Mode switch options	 <input checked="" type="radio"/> Single <input type="radio"/> Multiple	单通道：只能显示单通道的时间序列和频谱；

			多通道：同时显示多个通道的时间序列和频谱信息
	Probe set		添加或清除通道排布的光极组
Signal present options	Single average	<input type="checkbox"/> with mean <input type="checkbox"/> mean only	在多种模式下： With mean: 选择是否显示多个选定通道的平均值。Mean only: 仅表示平均值。
	Single type selection	<input checked="" type="radio"/> oxy <input type="radio"/> dxy <input type="radio"/> total	选择或切换显示的类型 单一模式下：可同时选择多个单一类型 多模式下：只能选择一种类型
	Data type options	<input checked="" type="checkbox"/> Raw data <input checked="" type="checkbox"/> Preprocessed	选择显示原始数据或预处理后的数据 在单一模式下：可同时选择 在多模式下：不能同时选择两种模式
Range	Time series range	Time range: 2000 ~ 9000	显示输入时间范围内的时间序列
	Spectrum range	Spectrum upper limit:	设置频谱的上限

如果要在此模块中显示任务参考波。在特定任务面板中添加任务设计信息（固定格式的.mat，请参见示例文件：...\\NIRS_KIT\\sample_Data\\Temp_design_Inf.mat，或参考 4.3 任务态个体水平分析）。可以有选择地表示特定的任务条件参考波和相应的谱信息（均为虚线，见图 4.2.1.3）。

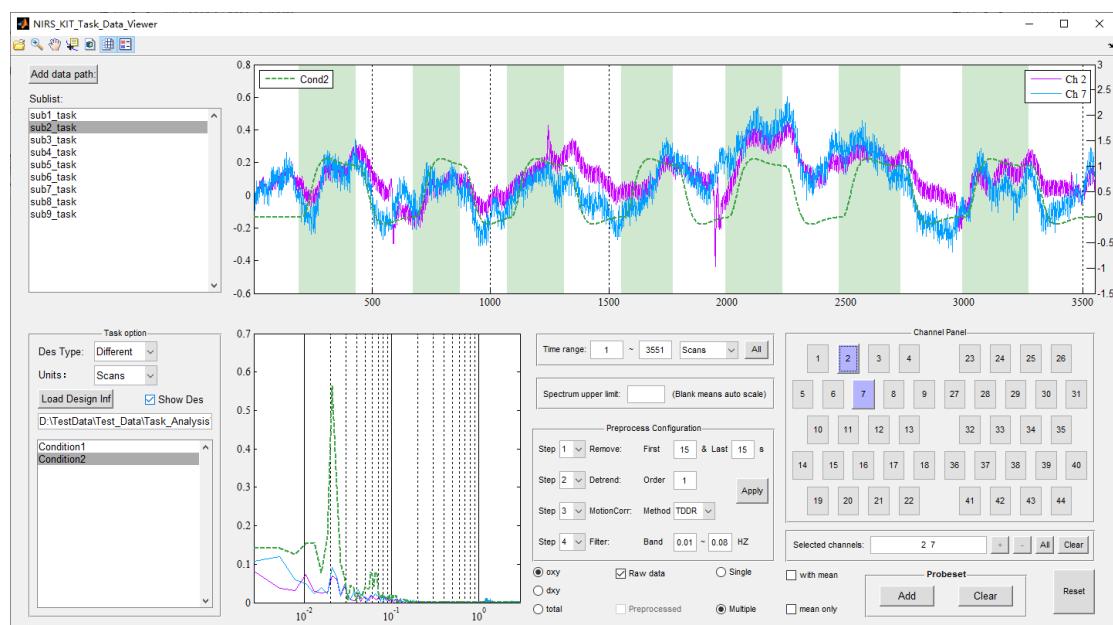


图 4.2.1.3 NIRS-KIT Data Viewer: 任务参考波.

异常通道标记

- 在 Data Viewer 的 Channel Control 区域面板中，我们新增了右键点击来标记或者取消异常通道的功能（V3.0 版本新增，见图 4.2.1.4）。
 - 当加载的数据本身存在异常通道信息时（例如，日立的近红外设备允许用户在实验过程中标记异常通道），加载后 Data Viewer 中该被试的这些通道标号的前景色被标记为灰色。
 - 当右键点击一个正常通道时想要将其标记为异常时，会跳出弹窗询问是否确定标记，如果选择“是”，该通道编号的前景色将被标记为灰色，同时该标记信息将被存储在改被试的加载数据中；同样，如果想要取消某异常通道的标记，也可右键点击该通道，确认后该通道的标记将被取消，同时该信息也将及时更新在被试的加载数据中。
 - 在于组水平统计时，被试的异常通道将被自动排除组统计外。例如：某实验有 10 个被试 2 个通道（Ch1 和 Ch2），并且有两个被试的 Ch2 被标记为异常。在组水平统计时，Ch1 的指标分析包含全部 10 个被试，Ch2 的计算包含排除异常通道后的 8 正常被试。当然，如果某一通道异常被试太多时，需要考虑该通道是否适合被纳入组水平统计。
 - 此外，如果用户想要取消所有被试所有的异常标记通道，可以在 Matlab 的命令窗口运行 `NK_clear_exceptional_labels.m` 来实现。

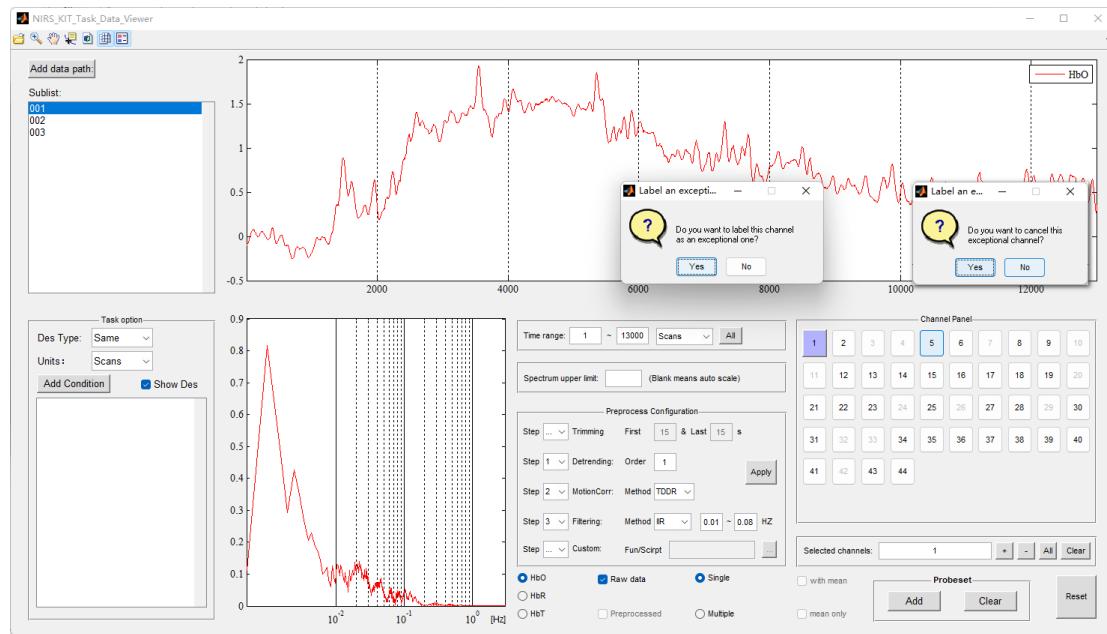


图 4.2.1.4 NIRS-KIT Data Viewer: 异常通道的标记和取消

4.2.2 组块/事件平均

Block Average (NIRS-KIT V3.0 更新) 允许用户执行组块时间序列平均见 (图 4.2.2.1) 和事件时间序列平均 (见图 4.2.2.2) 的计算和显示。该模块保留了 Task Data Viewer 的大部分功能。

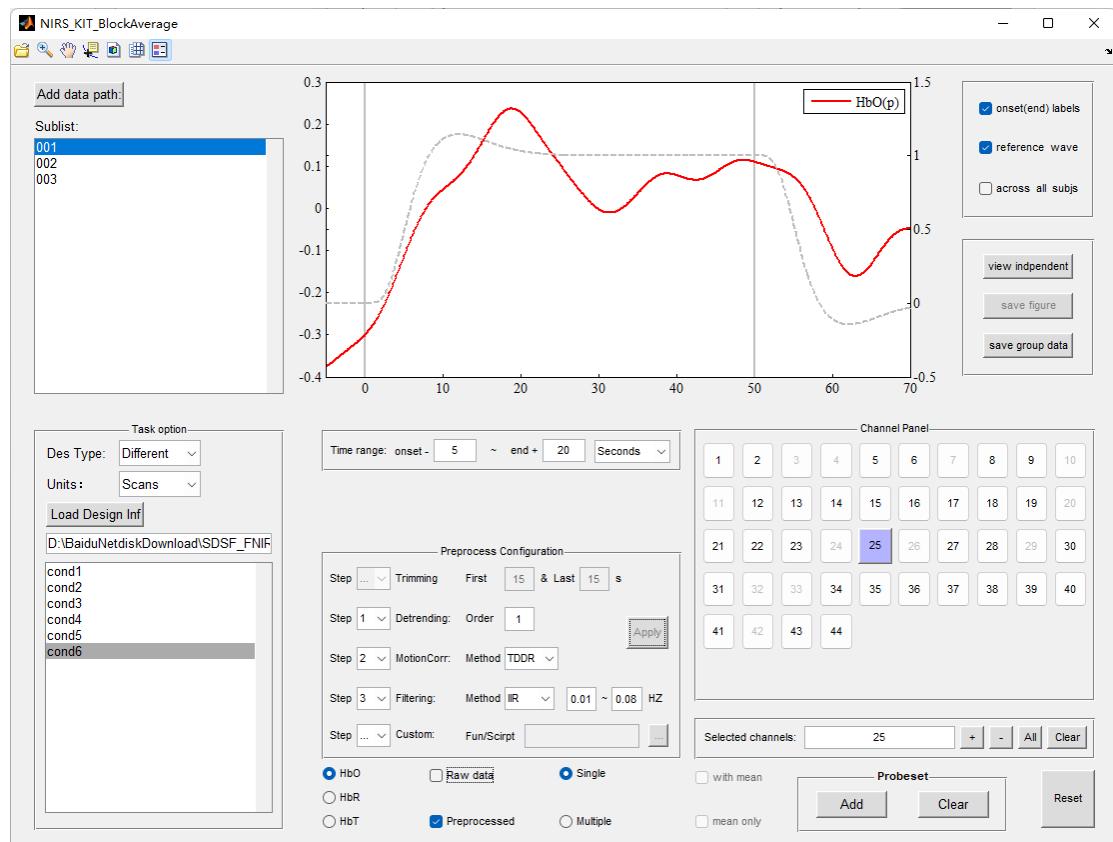


图 4.2.2.1 NIRS-KIT Block/Event Average: 预处理之后的组块平均

使用方法:

- 点击 “*Add data path*” 添加原始数据或预处理数据文件夹;
- 添加设计信息 (手动或加载 design_inf.mat 文件);
- 根据需要变换计算和显示参数, 例如: 是否显示 onset(end) 标记 & 是否显示参考波。
- ◆ 想要计算和显示组水平的结果, 勾选 “*across all subjs*” 按钮。
- ◆ 如果想要保存当前显示图片, 点击 “*view independent*” 按钮, 可根据需要进行调整, 然后点击 “*save figure*” 即可存储。
- ◆ 此外, 用户可以点击 “*save group data*” 计算并存储所有被试所有条件的组块/时间平均的数。用户可以使用其他软件加载该存储数据, 进行画图。

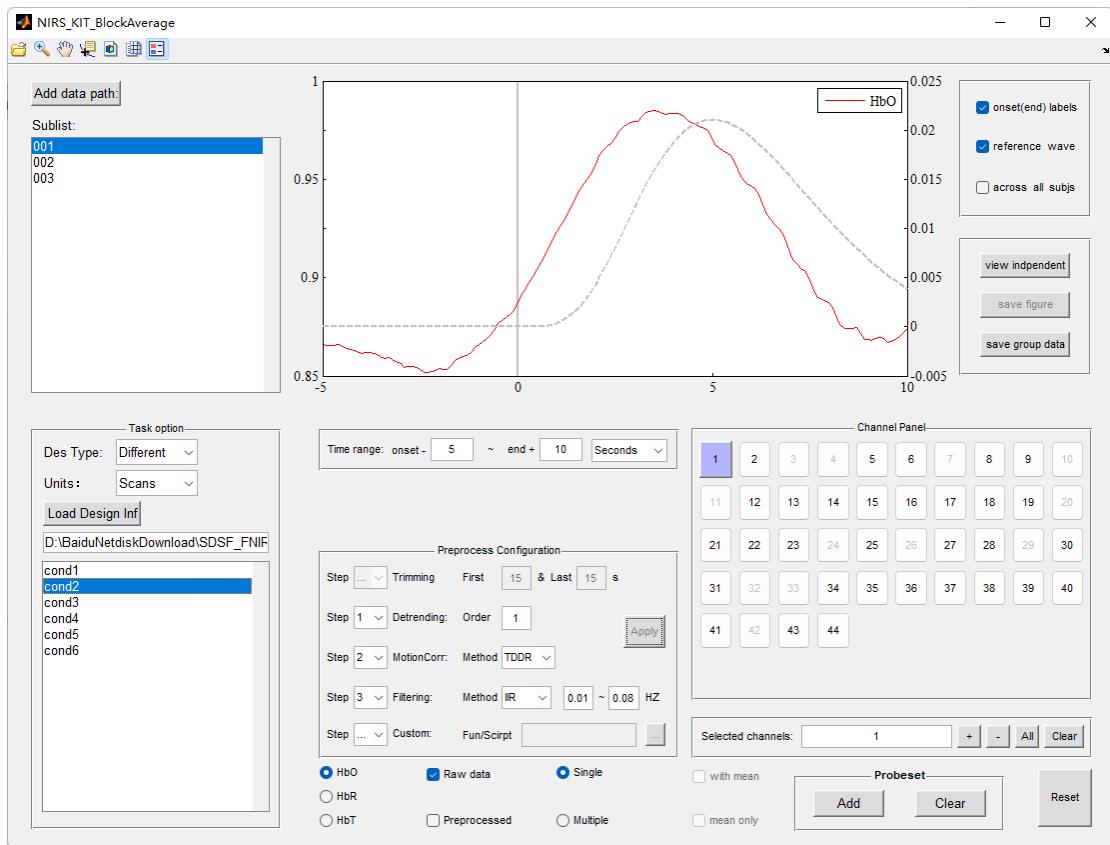


图 4.2.2.2 NIRS-KIT Block/Event Average: 事件平均 (duration = 0)

注意:

- 1) 如果有被试的通道被标记为异常，那么在组水平的组块/事件平均的计算和显示时将被排除在外。
- 2) 对于组水平的组块平均，被试的某条件下每个组块的持续时间最好一样。当不同组块的持续时间不同时，我们在组块平均的计算时将组块的最大持续时间作为组块平均的持续时间，此时组块平均的计算过程如下图 4.2.2.3。

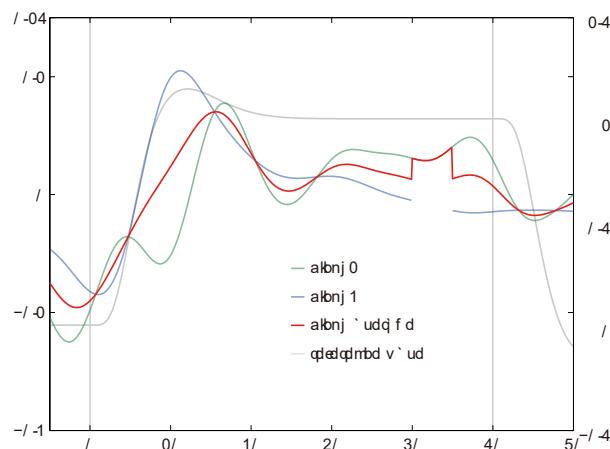


图 4.2.2.3 当持续时间不同时组块平均的计算过程示例

4.3 预处理

在统计分析之前, fNIRS 数据通常会经过一系列去除伪迹的预处理步骤。主要目标是尽量减少数据采集过程中产生的伪迹和生理伪迹的影响。在本节中, NIRS-KIT 预处理[图 4.3(A)]为 fNIRS 数据提供了几种常用的预处理功能。研究人员可以任意指定预处理步骤的顺序。

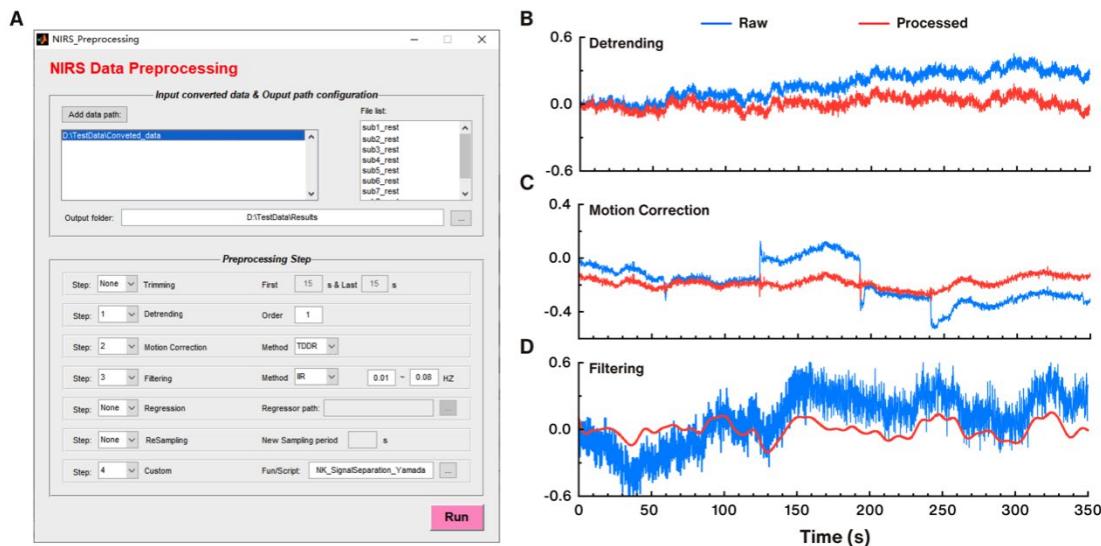


图 4.3 NIRS-KIT 预处理主界面及实际数据处理方法呈现, (A)数据预处理模块界面; (B)呈现去漂移效果(线性去漂移); (C)使用 TDDR 方法呈现运动伪迹校正; (D)通过三阶 IIR 巴特沃斯带通滤波器(0.01 至 0.08 Hz)进行滤波呈现

- **数据剪切 (Trimming)** : 删减某些不需要的时间序列。
- **去漂移 (Detrending)** : 使用多项式回归模型估计线性或非线性趋势, 然后从原始血红蛋白浓度信号中减去该趋势[如图 4.3(B)所示]。建议 order 为 1 或 2。
- **头动校正 (Motion Correction)** : 提供了两种运动伪迹校正方法。TDDR (Fishburn et al., 2019): 时间导数分布修复 (Temporal Derivative Distribution Repair) [如图 4.3(C)]; CBSI (Cui et al., 2010): 基于相关性的信号质量提升 (correlation-based signal improvement)。
- **滤波 (Filtering)** : NIRS-KIT 提供三种滤波器 (高通、低通和带通滤波), 以去除不相关的低频和/或高频成分[如图 4.3(D)所示]。提供了三种常用的数字滤波器类型: 无限脉冲响应 (IIR) 滤波器、有限脉冲响应 (FIR) 滤波器和基于快速傅里叶变换的滤波器 (基于 FFT 的滤波器)。NIRS-KIT 中使用的 IIR 过滤器是 Butterworth 滤波器 (默认三阶)。FIR 滤波器是一个 Hamming 窗滤波器 (默认第 34 阶)。对于基于 FFT 的滤波器, 将每个通道的时间序列变换到频域, 对频域信号进行滤

波，然后再变换回时域。默认情况下，使用三阶 IIR 滤波器进行带通滤波（0.01 至 0.08 Hz）。使用者可根据研究目标和噪声特性指定滤波模型、高频和/或低频阈值以及滤波器类型。**注意，对于任务态分析，不应过滤掉特定于任务的频率。**

- **噪声回归** (Noise regression)：系统噪声（尤其是头皮血流）通常会污染 fNIRS 功能信号。一个有效的方法是使用短距离参考通道（仅对大脑外组织浅层的信号敏感）记录浅层噪声，然后使用回归从神经记录中去除噪声。当使用短距离通道时，NIRS-KIT 提供了噪声回归功能，其中短距离通道的信号可用作回归量并被去除。每个被试的回归量数据保存在 .txt 文件中，请参见...\\NIRS_KIT\\Sample_data\\Regressor_Covariates 中的示例数据；
- **重采样** (Resampling)：将原始时间序列重新采样为新的固定采样率；
- **自定义处理方法** (Customized processing methods)：使用者可以通过该模块自定义处理方法 (MATLAB 函数) 处理 fNIRS 数据[见图 4.3(A)]。使用者可以参考工具包 [...]\\NIRS_KIT\\customizedfunctions\\NK_SignalSperation_Yamada.m 中的示例自定义处理方法文件，以 Yamada et al. (2012) 开发的系统化噪声去除方法为例]来编辑自定义函数或脚本。

使用 **data Viewer** 比较预处理后的数据和原始时间序列，然后确定预处理方法和步骤顺序。注意，如果在预处理过程中进行剪切数据和重采样，原始时间点和标记点可能会发生更改。需要确保在下一个任务 fNIRS 个体水平分析 (GLM 构建) 中输入的设计信息与预处理的数据是正确的。

4.4 个体水平分析

在任务态 fNIRS 数据预处理后，基于一般线性模型 (GLM) 进行个体水平的统计分析，以检验任务相关的神经激活。

fNIRS 数据的个体水平统计分析包括以下步骤 (1) GLM 模型构建，将观测到的血流动力学信号（因变量）视为回归量（任务变量）、协变量（如短距离通道测量的头皮表面噪声）和误差项。对于 GLM 构建，使用 SPM 中的血流动力学响应函数通过任务变量构建时间序列形式； (2) GLM 参数的估计； (3) 设置对比向量得到结果。

Step1：模型构建

- 添加数据路径:文件夹内包含所有被试的预处理后任务态 ANIRS 数据；
- 设置输出路径；
- 模型定义：
 - **Signal type**: 选择一个或多个要分析的信号类型 (oxy、dxy 或 total)；
 - **HRF**: 默认为 Canonical HRF；

- Design Inf Type: 相同或不同;
- Units for Design: 秒或采样点。

如果所有被试有相同的设计矩阵，则选择相同的设计类型（图 4.4.1），点击“Add New Condition”，打开输入窗口。需要输入每个条件的条件名称、开始时间以及每个试次或组块的相应持续时间。指定此条件类型的开始时间向量。

Onset: 定义一个向量来表征被试条件的开始时间。

可以使用键盘输入 onset 向量，例如输入“100 300 500”或“100:200:500”，然后点击“Enter”键。

Duration: 定义每个事件或组块的持续时间

组块和事件相关相应的模型构建方式相同，但是duration设置不同。在时间相关设计中，事件(event)的duration应设为0。当duration框内只输入一个数字时，软件会默认该条件下所有试次的duration相同，并自动为每个试次填充该duration值。如果该条件下不同trial的duration不同，则输入的duration的数目应与该条件的试次数相同，及为每个试次输入各自的duration。

模型定义完成之后，设计矩阵将呈现在后侧面板中（见下图）。设计矩阵中，每行代表每个时间点，每列代表一种效应或者一个解释变量。

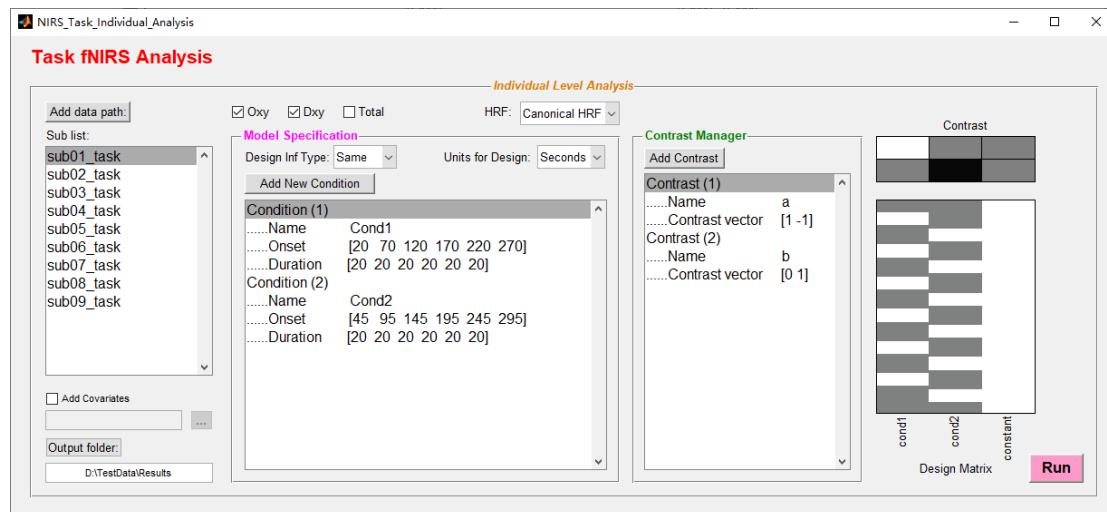


图 4.4.1 Task analysis – Model Specification with same design information for everyone.

如果被试的设计矩阵不同，选择不同 Design Inf 类型（图 4.4.2），然后点击“Load your Design Inf.mat”。可以参考 Temp_Design_Inf.mat（在...\\NIRS_KIT\\Sample_Data\\中，通过点击 Open the sample folder to open）来创建自己的*.mat 文件，该文件包含所有被试的设计信息。

请确保设计信息 mat 文件中的子名称与输入被试列表中的名称顺序相同(见图 4.4.2)。

然后绘制第一个被试的设计矩阵 (图 4.4.3)。

如果使用者想要为 GLM 模型添加协变量 (如短距离通道测量的头皮噪声)，则应将每个被试的协变量放入.txt 文件中(参见...\\NIRS_KIT\\Sample_Data\\Regressor_Covariates 中的样例文件)。

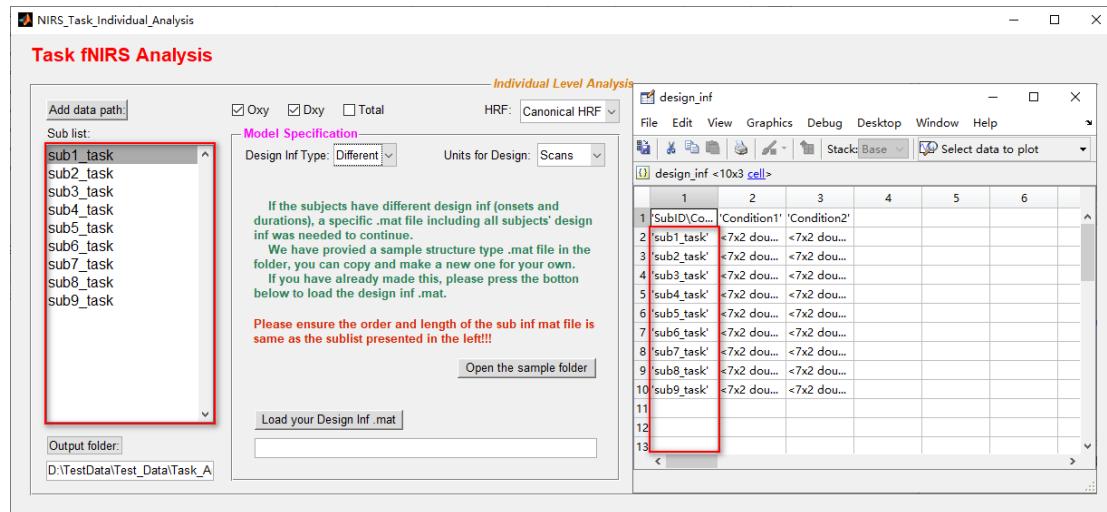


图 4.4.2 请确保设计信息文件 (*.mat) 与被试列表中的名称和顺序一样

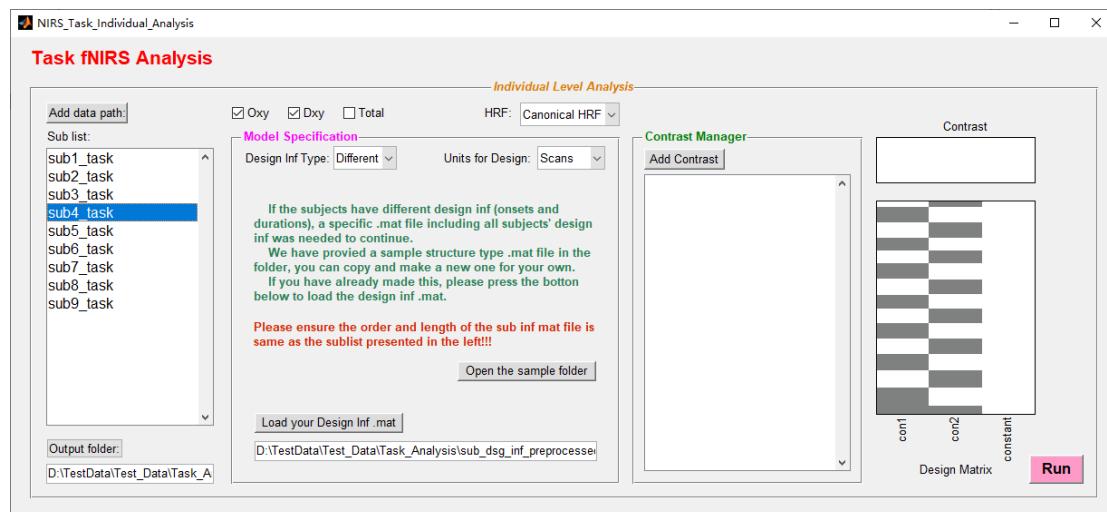


图 4.4.3 任务态分析——被试设计信息不同情况下的模型构建

Step2: 模型估计

构建 GLM 后，点击右下角的“Run”。然后，几秒钟或几分钟后完成，并在输出文件夹中生成输出文件，如下所示：

```
...\\output folder\\GLM\\
...\\output folder\\Oxy\\beta_0
```

...\\output folder\\Oxy\\beta_1

...\\output folder\\Oxy\\beta_*

...\\output folder\\Dxy\\beta_0

...\\output folder\\Dxy\\beta_1

...\\output folder\\Dxy\\beta_*

注意: beta_1 对应设计矩阵中的第一列条件_1, beta_n 对应设计矩阵中的第 n 列条件_n; 而 beta_0 对应的是设计矩阵中的最后一列常数。...\\output folder\\Dxy\\beta_*

Step3: 创建 Contrasts

对比向量 (contrast vector) 可用于估计信号在单个条件、多个条件的平均值或两个条件之间的幅值差 (图 4.4.4)。

- 1) 添加数据路径: 该文件夹包含上一步模型估计后生成的所有被试的 GLM 文件;
- 2) 设置输出文件夹;
- 3) 添加对比 contrast;
 - a. **Name:** 数据 contrast 名称
 - b. **Contrast Vector:** 输入对比向量 contrast vector, 例如 “1 -1” 或者 “0 1 0”。

注意: 1. 此处不允许使用 F 对比, 可在组水平分析中执行此操作;

2. 可以省略对比向量中右边的零, 因为如果指定的对比度权重小于设计矩阵中的列数, NIRS-KIT 将自动为该向量加零。

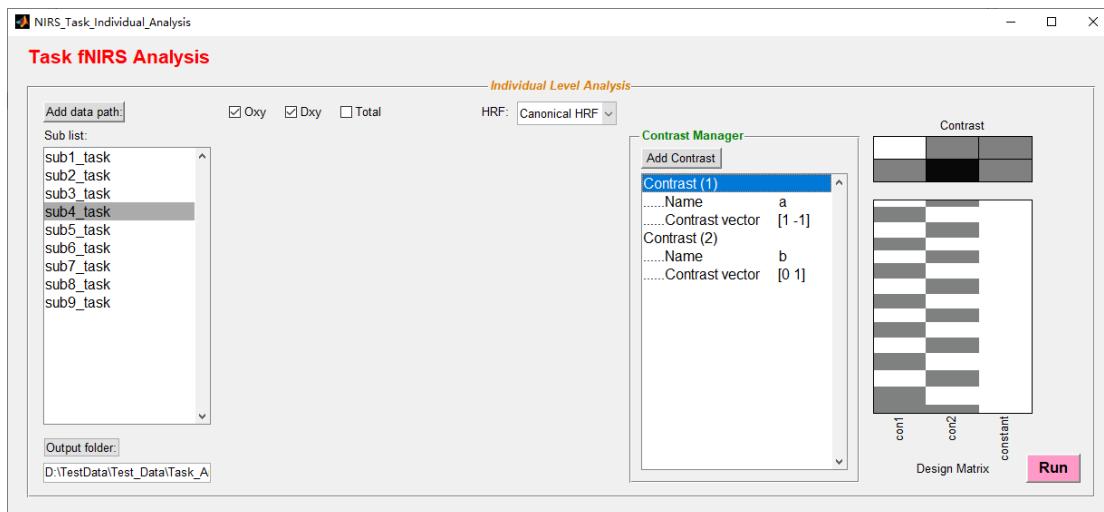


图 4.4.4 任务态 fNIRS 个体水平分析 contrast 设置。

定义对比后，点击右下角的“Run”。然后，几秒钟或几分钟后完成，并在输出文件夹中生成相应的输出对比文件，如下所示：

```
...\\output folder\\Oxy\\con1
...\\output folder\\Oxy\\con2
...\\output folder\\Oxy\\con*
```

```
...\\output folder\\Dxy\\con1
...\\output folder\\Dxy\\con2
...\\output folder\\Dxy\\con*
```

或者，使用者可以定义并同时运行三个步骤（模型构建、模型估计和对比设置），如下所示：

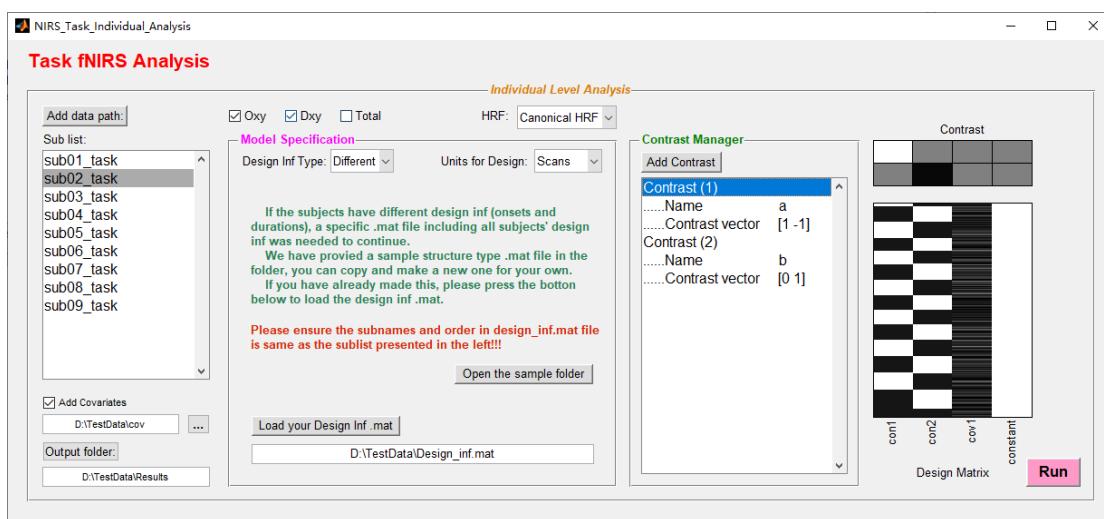


图 4.4.5 NIRS-KIT 任务态个体水平分析的整体设置。在 GLM 中添加一列随机生成的协变量】

设计信息 mat 文件制作

在使用 NIRS-KIT 软件进行任务态分析、数据预览或者 Block/Event Average 时会要求用户提供被试的设计信息。当每个被试的设计信息一致的情况下，用户可以通过界面手动输入的方式实现。但当实验中研究者对被试的条件呈现做了平衡或随机，这样每个被试的条件 block/event 的 onset、block 的 duration 时间有很大差别，这时需要用户提供一个包含每个被试设置信息的 design_inf.mat 文件。这对于没有编码基础的用户来说具有一定难度。为了方便用户可以简单制作 design_inf.mat 文件，我们在 NIRS-KIT V3.0 版本 Task Individual Analysis 界面增加了 Design_Inf_Maker 的模块（如下图 4.4.6 所示）。当研究者通过实验程序在近红外设备采集数据时将 mark 信息记录在原始数据中时，可通过该模块快捷制作 design_inf.mat 文件。

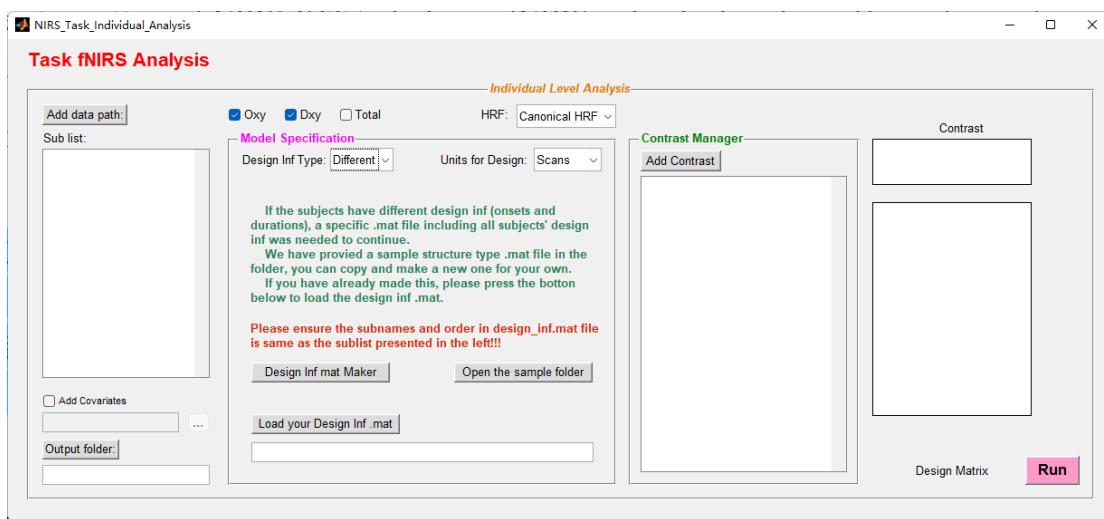


图 4.4.6 Design_Inf_Maker interface in NIRS_Task_Individual_Analysis.

使用方法：

- 当 Design InfType 为“Different”时，点击“*Design Infmat Maker*”（见图 4.4.6）；
- 在 Design Inf Maker 模块加载包含 vector onset information 的数据文件（可以时转换后的原始文件或者预处理之后的数据文件，但最好是预处理之后的数据文件，因为当预处理时做了剪除时间点或者重采样的操作时，数据中的 mark 点的位置会发生改变）。vector onset information 数据结构请参见 图 4.1.4；
- 然后，软件将自动识别数据总的 mark 数量，并生成对应的设计信息设置行（见图 4.4.7 作图）；
- 此时，用户可以点击“*Mark Display*”选择一个代表性数据来显示器 mark 信息，以方面对对应 mark 设计信息行的设置操作。
- 感觉实验设计情况，进行设置。然后点击“*Run*”即可存储生成数据。

Note:

- 1) 通过 Design_Inf_Maker 生成的 Design_Inf.mat 的数据是以数据点 (scans) 为单位，因此在 Data Viewer/Block Average/Task Individual Analysis 模块使用时，请将 Units of Design 设置为“Scans”。
- 2) 由于有时可能由于实验程序、机器问题或者用户设置不当，会导致生成的 design_inf.mat 文件存在某些问题。因此，在正式使用该文件前，用户应进行仔细检查（如使用 DataViewer 或 Block/Event Average 加载进行检查）以保证无误。

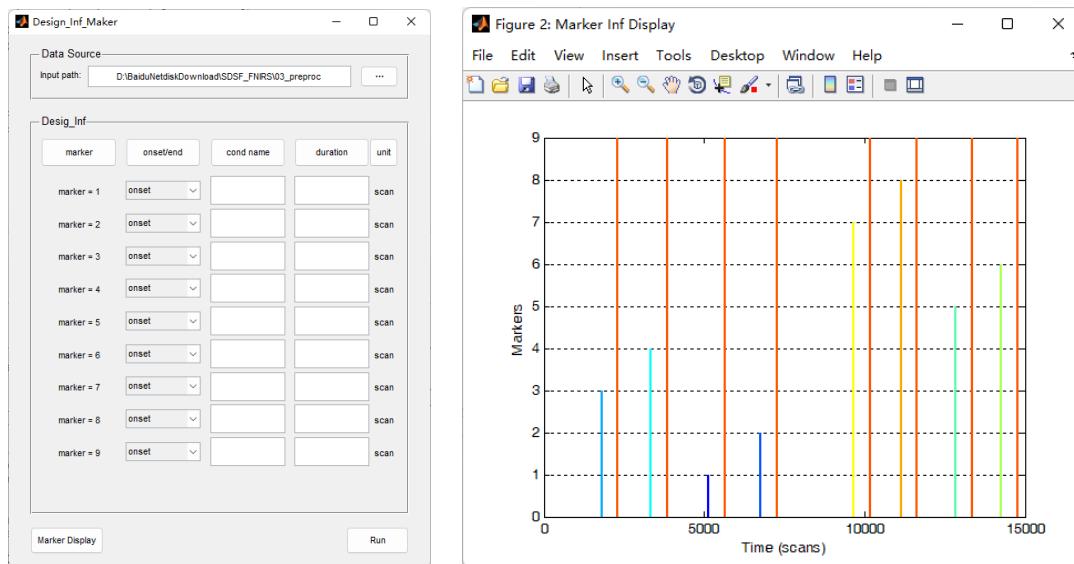
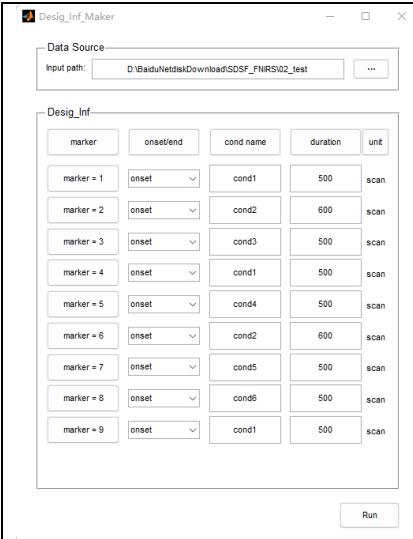
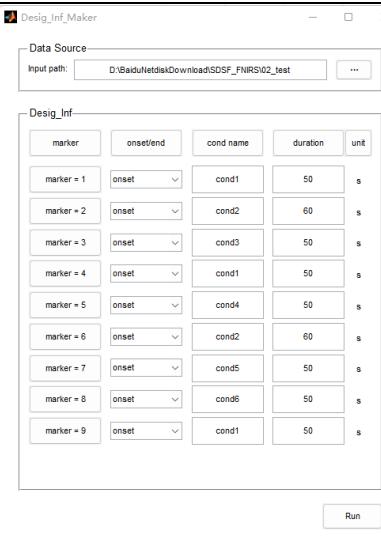
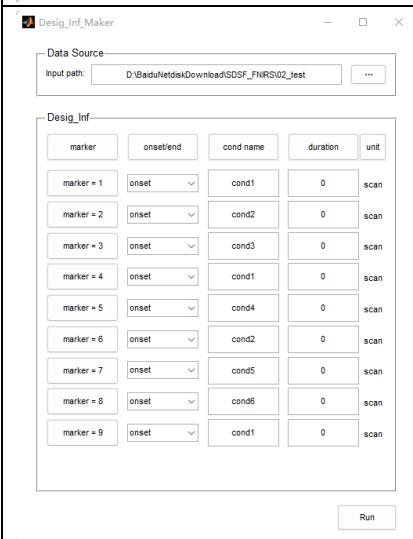
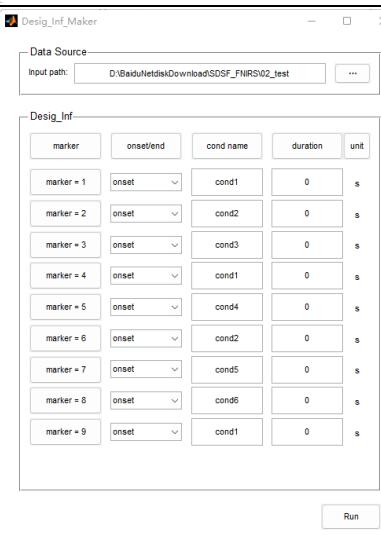
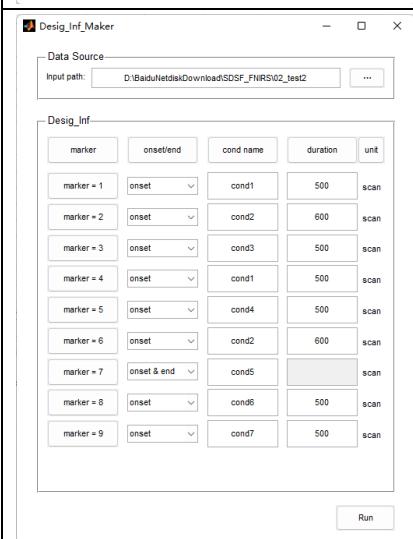
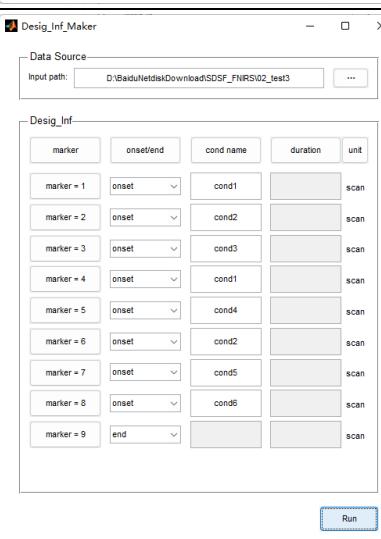


图 4.4.7 Design_Inf_Maker 界面（左）和 Marker Inf Display（右）

NIRS-KIT 用户使用手册

表 4.4 此表提供了 Design Information mat Maker 时的多种可能情况

	Setting1: Cond1: marker=1&4&9,duration n = 500 scans; Cond2: marker=2&6,duration = 600 scans;		Setting2: Exactly the same as Setting1, except that here the units are seconds.
	Setting3: Event design information setting with duration=0		Setting4: Event design information setting with duration=0
	Setting5: In this setting, Cond5 with both onset and end = mark7		Setting5: In this setting, Each condition has the same end mark=9

4.5 组水平统计

比较多个被试的激活或差异并进行组水平推断称作二阶或组水平分析（图 4.4）。

对于组水平分析，NIRS-KIT 提供了几种常用的参数模型，包括独立样本 t 检验、双样本 t 检验、配对样本 t 检验、相关性分析、方差分析（独立和重复测量）以及单个指标的平均值。此外，可以将不感兴趣的协变量（例如，年龄、性别和训练时间）添加到这些统计模型中（平均值除外）。此外，NIRS-KIT 还提供多种比较校正方法，包括 FDR 校正和 Bonferroni 校正。最后，如果应用了多种相关方法，只能在 mask（包含感兴趣的通道）内执行。

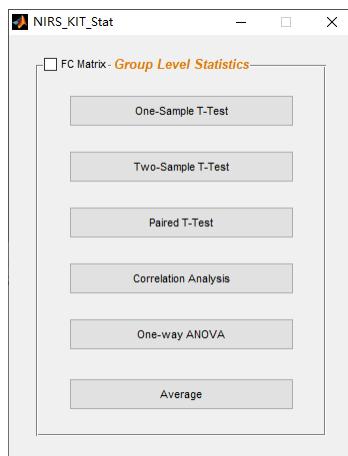


图 4.5 NIRS-KIT 组水平统计主界面.

4.5.1 单样本 T 检验

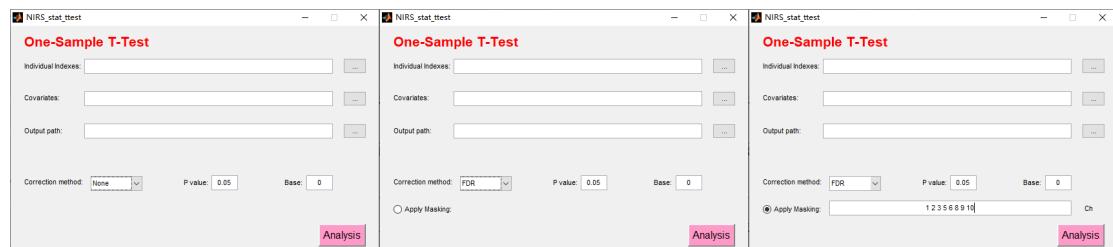


图 4.5.1 组水平统计的单样本 t 检验

单样本 t 检验（图 4.5.1）可用于检验组指标是否与给定值（如 0）有显著差异。

- 1) 点击“...”按钮，添加包含感兴趣的指标（beta 值或对比度值）的个体水平结果文件夹；
- 2) 添加协变量文本文件以输入不感兴趣的协变量（如果有协变量）；

注意：协变量文本文件的组织格式（图 4.5.2）：行表示被试，顺序与输入的单个指标文件相同。不同列表示不同的协变量。

1	3 4
2	2 1
3	4 5
4	5 1
5	1 1
6	2 2
7	7 6
8	5 6
9	1 7

图 4.5.2 协变量文本文件示例

- 3) 设置输出路径;
- 4) 选择矫正方法: **None, FDR or Bonferroni**;
 - 如果选择 **FDR** 或者 **Bonferroni**, 将呈现 **Apply masking**, 然后
 - ◆ 如果不设置 **Apply masking** (如图 4.5.1 中), 多重比较矫正将在所有通道内计算;
 - ◆ 如果设置 **Apply masking** (如图 4.5.1 右), 多重比较矫正将在 mask 道内计算;
- 5) 设置完所有参数后, 点击“Run”, 将会产生一个 mat 格式的统计结果文件 (图 4.5.3).

Field	Value	Max	Min
stat	<1x44 double>	0.9709	-1.46...
p	<1x44 double>	0.9843	0.1822
probe2d	<0x0 cell>		
probe3d	<0x0 cell>		
df	8	8	8
description	'single t-test two-tailed'		
sig	<1x44 double>	0	0
mask_channels	<1x20 double>	20	1
Bonferroni05_PThrd	0.0025	0.0025	0.0025

图 4.5.3 组水平统计结果样例

注意:

- ◇ 在结果文件中, statdata.stat 是统计值 (这里是 T 值), statdata.p 是 statdata.stat 对应的原始 p 值;
- ◇ statdata.sig 用 0 (不显著, 对应的原始 p 值大于 statdata.*_PThrd) 和 1 (显著, 原始 p 值小于等于 statdata.*_PThrd) 标记每个通道的显著性;
- ◇ 如 果 应 用 了 multiple comparison correcti 和 masking , 则 只 有 statdata.mask_channels 中的通道具有其原始 p 值小于等于 statdata.*PThrd, 将设置为 1。

4.5.2 双样本 T 检验

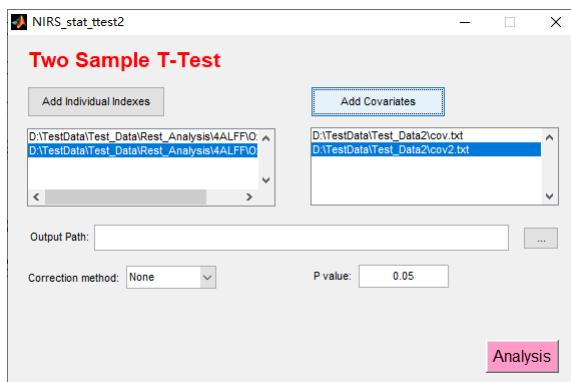


图 4.5.2 组水平统计的双样本 t 检验

双样本 t 检验（图 4.5.2）可用于检验两个独立组的相关指标是否存在显著差异。

- 1) 点击“Add Individual Indexes”按钮，为每个独立组增加单个指标文件夹；
- 2) 如果存在协变量，请按与左面板中的单个指标文件夹相同的顺序为每组添加两个协变量文本文件；
- 3) 其他参数设置请参考以上单样本 t 检验。

4.5.3 配对样本 T 检验

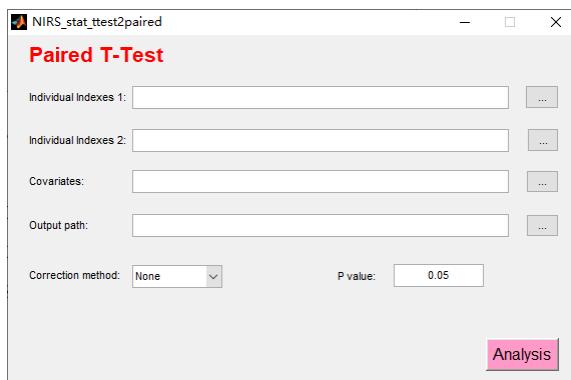


图 4.5.3 组水平统计的配对样本 t 检验

配对样本 t 检验（图 4.5.3）可用于检验两个相关组（如前测和后测）的相关指标是否存在显著差异。

- 1) 点击“...”按钮，添加个体指标 1 和配对的个体指标 2；
- 2) 如果存在协变量，则为组添加一个单独的协变量文本文件；
- 3) 其他参数设置请参考以上单样本 t 检验。

4.5.4 相关分析

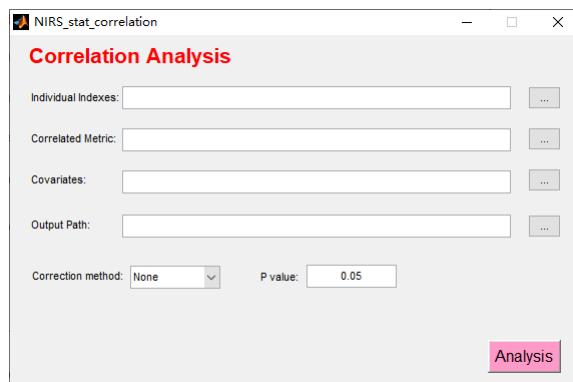


图 4.5.4 组水平统计的相关分析

相关性分析（图 4.5.4）可用于同时控制不感兴趣的协变量的差异的同时，检验感兴趣的指标与感兴趣变量（例如人口统计学、认知或临床变量）在被试间是否存在显著相关。

- 1) 点击“...”按钮，添加包含感兴趣的指标（beta 值或对比度值）的个体水平结果文件夹；
- 2) 添加包含感兴趣变量的相关指标文本文件；
注意：协变量文本文件的组织方式：n（被试数量）行表示与输入的单个指标文件具有相同顺序的被试。单列表示感兴趣的变量。
- 3) 其他参数设置请参考上述单样本 t 检验。

4.5.5 单因素方差分析

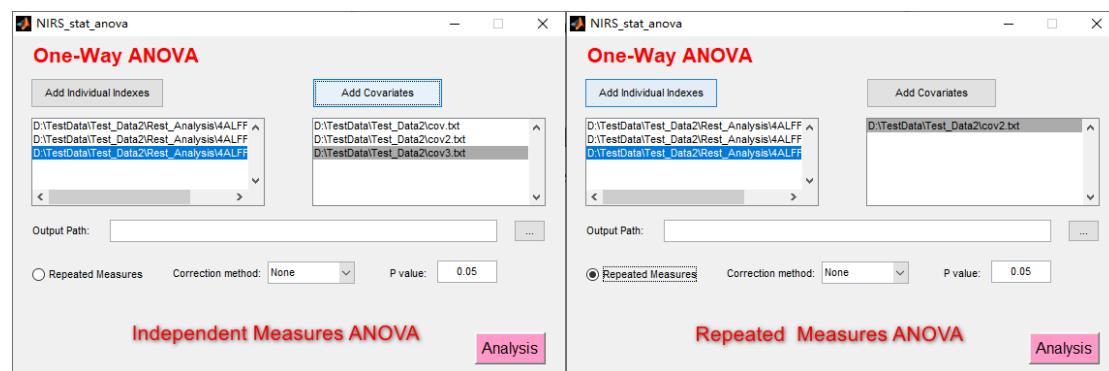


图 4.5.5 单因素方差分析（左：独立测量；右：重复测量）组水平统计分析

单因素方差分析（图 4.5.5）可用于检验在控制协变量差异的同时，独立（重复）变量的类别/水平之间的相关指标是否存在显著差异。NIRS-KIT 提供了独立和重复测量的单因素方差分析。

- 1) 点击左列的“Add Individual Indexes”，输入感兴趣的指标文件夹； 2) 如果要进行重复测量单因素方差分析，选择“Repeated Measures”；

- 2) 如果需要，点击右列中的“Add Covariates”，输入不感兴趣的协变量：**注意：**
 - a. 如果是独立测量：按照与左面板中的单个指标文件夹相同的顺序添加每组的协变量文本文件（参见左上图）；
 - b. 如果是重复测量：为群组添加一个单独的协变量文本文件（参见右上图）。
- 3) 其他参数设置参考上述单样本 t 检验。

4.5.6 平均



图 4.5.6 组平均分析

平均功能（图 4.5.6）可用于计算被试的平均指标。

- 1) 点击“...”按钮，添加包含感兴趣的指标（beta 值或对比值）的个体水平结果文件夹；
- 2) 点击“...”按钮选择输出结果的路径；
- 3) 点击“Analysis”运行。

个体指标整合

- 该功能支持将所有被试的个体水平分析指标整合为一个单独的文件，以便用户可以基于此进行自主的组水平统计分析或结果呈现（V3.0 版本新增）。
 - 如需执行此功能，可以在 Matlab 的命令窗口运行 `NK_ind2grp.m` 选择需整合的包含所有被试的个体水平分析指标的文件夹，该功能将整合成所有被试的个体结果为一个单独 table 格式的*.mat 文件（输出结果如下图 4.5.7）。

9x2 table		
	1 subname	2 indexdata
3		
1	'sub1_rest'	1.1969
2	'sub2_rest'	1.1592
3	'sub3_rest'	0.2773
4	'sub4_rest'	1.4277
5	'sub5_rest'	0.7043
6	'sub6_rest'	1.2629
7	'sub7_rest'	0.7328
8	'sub8_rest'	0.4333
9	'sub9_rest'	0.6842
10		

```
group_inds =
9x2 table
subname           indexdata
_____
('sub1_rest')    1x44 double
('sub2_rest')    1x44 double
('sub3_rest')    1x44 double
('sub4_rest')    1x44 double
('sub5_rest')    1x44 double
('sub6_rest')    1x44 double
('sub7_rest')    1x44 double
('sub8_rest')    1x44 double
('sub9_rest')    1x44 double
```

```
group_inds =
9x2 table
subname           indexdata
_____
('sub1_rest')    1x1936 double
('sub2_rest')    1x1936 double
('sub3_rest')    1x1936 double
('sub4_rest')    1x1936 double
('sub5_rest')    1x1936 double
('sub6_rest')    1x1936 double
('sub7_rest')    1x1936 double
('sub8_rest')    1x1936 double
('sub9_rest')    1x1936 double
```

图 4.5.7 个体指标整合后的组文件示例

4.6 结果可视化

NIRS-KIT 提供 2D 和 3D 可视化功能（图 4.6），以方便、灵活和快速的方式可视化任务态 fNIRS 个体水平分析指标（ β 值或对比值）或组水平统计结果（例如，t 检验、相关结果）。

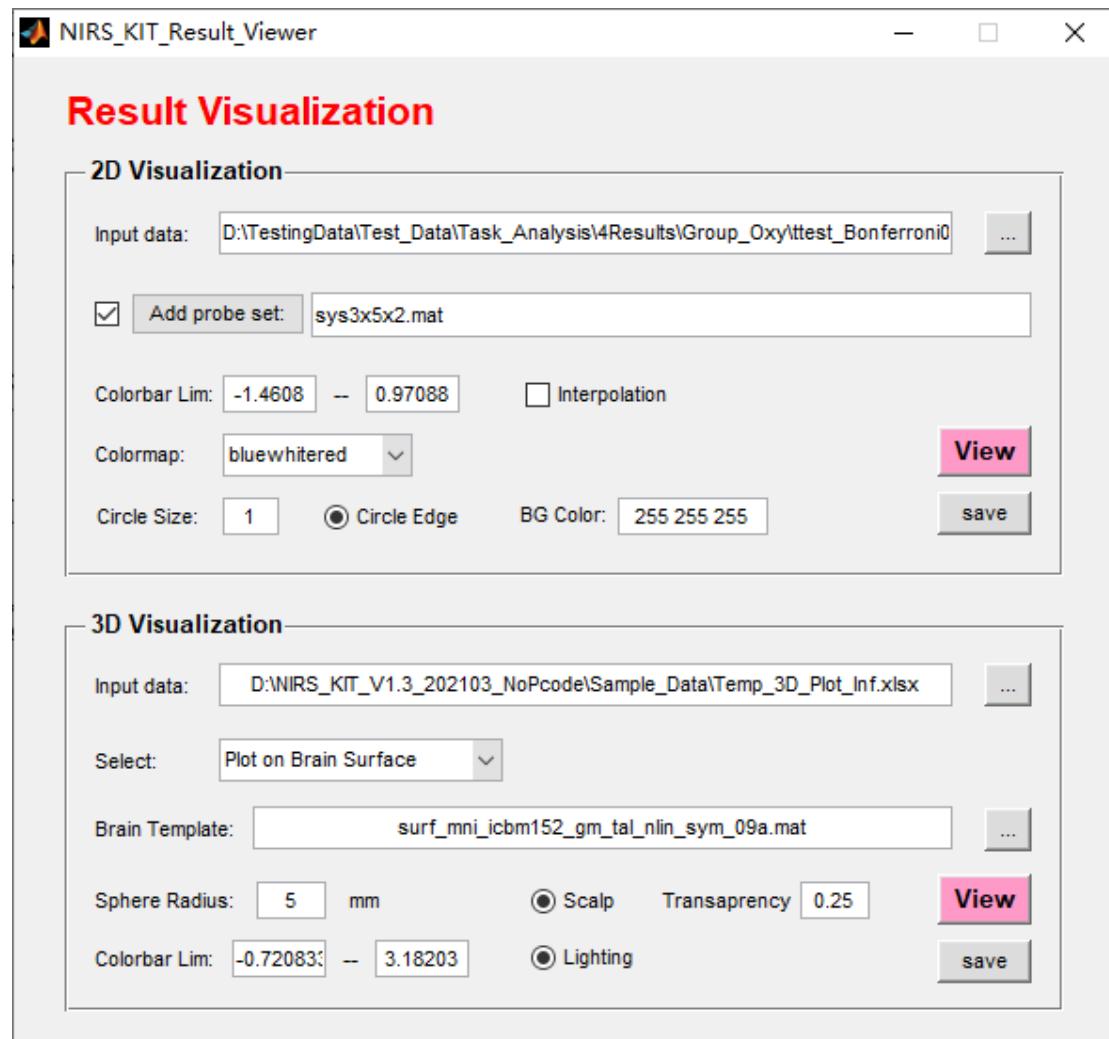


图 4.6 NIRS-KIT 结果可视化主界面

4.6.1 4.6.12D 结果可视化

NIRS-KIT 允许以插值或非插值 2D 可视化模式显示个体水平指标或二阶统计结果（图 4.6.1.1）。

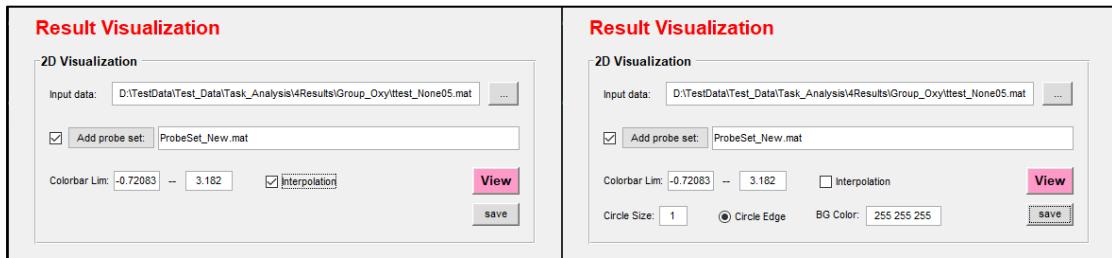


图 4.6.1.1 NIRS-KIT 2D 结果可视化

- 1) 点击“...”按钮，添加个体水平分析指标或组水平统计结果；
- 2) 如果输入数据文件中没有光极组数据，请在“Add probe set”左侧的框中选择相应的光极组文件；
- 3) 必要时设置下限和上限，以限制数据的色阶；
- 4) 选择显示类型：插值（图 4.6.1.2）或非插值（图 4.6.1.3）；
如果没有选择插值，需要设置以下参数：相对圆大小（1 为默认值）、是否显示圆的边缘、背景颜色（BG Color）。
- 5) 设置完以上所有参数后，点击“View”以绘制和显示图形；
- 6) 点击“save”，设置输出文件夹和输出文件名以及输出文件格式以保存当前显示的图形。NIRS-KIT 支持将图形保存为位图格式（“tif”）文件或矢量图格式（“pdf”）文件。`export_fig` 函数用于增强可视化效果(https://github.com/altmany/export_fig)。

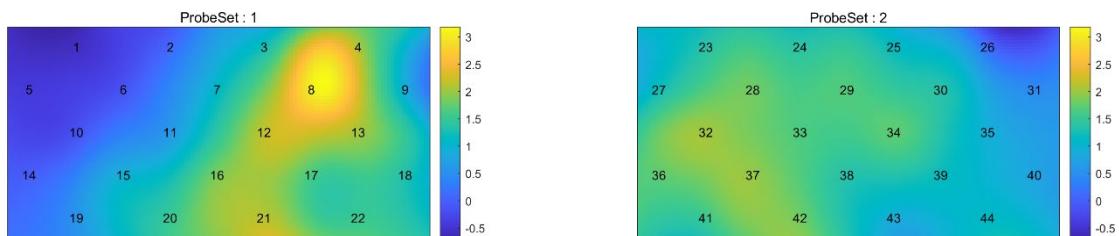


图 4.6.1.2 2D 插值可视化图

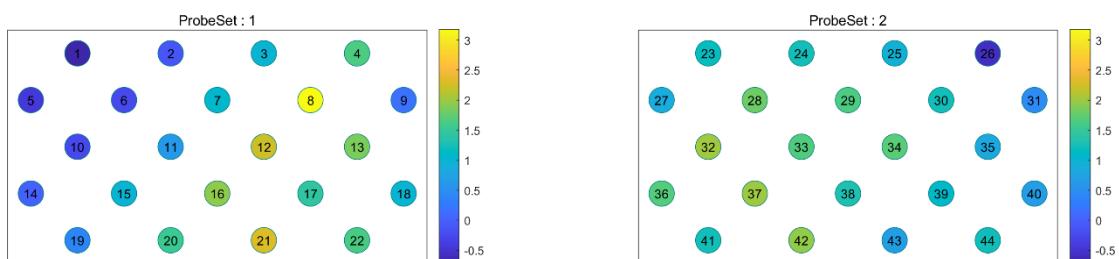


图 4.6.1.3 2D 非插值可视化图

4.6.2 3D 结果可视化

在 NIRS-KIT 中，提供了三种非插值和一种插值的通道 3D 可视化（图 4.6.2.1）。

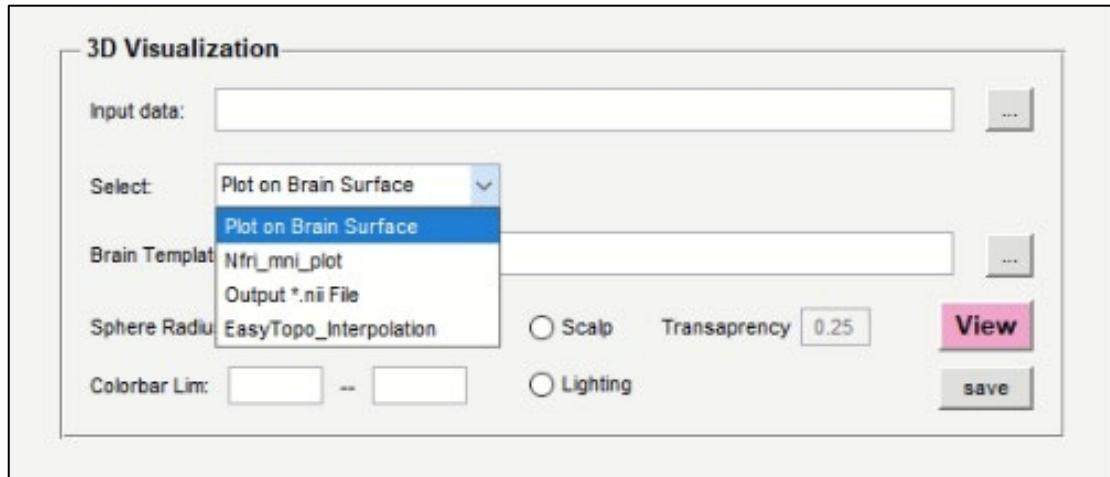


图 4.6.2.1 NIRS-KIT 3D 结果可视化

对于非插值 3D 可视化，可以使用三种模型：第一种是将每个测量通道的分析结果直接映射到标准大脑模板（例如 ICBM152）上，设置显示参数（例如球体大小和颜色条范围），然后输出结果图。第二个是使用 NFRI 工具箱中的 `nfri_mni_plot` 绘图函数将通道统计值映射到标准大脑空间[[如果应用了此方法，请引用该文章\(Singh et al., 2005\)](#)]。最后一种更灵活的方法是以使用广泛的 NIFTI 格式输出大脑图像，可由其他外部成像可视化工具箱加载和可视化[比如 BrainNet Viewer (Xia et al., 2013), MRICroGL, Surface, 等]。

对于插值通道 3D 可视化，使用 Tian et al. (2013) 提供的 EasyTopo 工具箱（如果采用了此方法，请引用该文章）。

G15	A	B	C	D	E	F	G	H
1	ChID	MNI_x	MNI_y	MNI_z	Stat_Value			
2	1	-33	65	10	4.431739			
3	2	-13	72	15	2.187981			
4	3	16	72	14	4.163283			
5	4	36	66	3	5.93592			
6	5	-37	58	22	-0.90036			
7	6	-19	68	22	-2.00803			
8	7	4	67	24	4.497118			
9	8	25	68	21	3.311442			
10	9	43	58	16	3.49084			
11	10	-26	57	30	1.985284			
12	11	-10	64	32	-3.10021			
13	12	14	65	31	5.204399			
14	13	33	58	26	2.856953			
15	14	-39	46	34	-0.66237			
16	15	-15	58	39	2.431138			
17	16	3	58	37	10.92101			

图 4.6.2.2 3D 结果可视化的输入文件格式

要呈现 3D 可视化，需要将每个通道的统计值和 MNI 坐标以以下指定格式整合到 excel 文件中（请参见示例文件夹中的模板文件 **Temp_3D_Plot_Inf.xlsx**）。在 3D 绘图信息.xlsx（图 4.6.2.2）中，第一列是通道 ID，第二到第四列是每个通道的对应 MNI 坐标，最后一列是统计值。

- 1) 点击“...”按钮，添加包含 MNI 坐标和相应的统计值 3D 图形信息 excel 文件作为输入数据；
- 2) 选择显示类型：
 - a. 如果选择使用 Matlab 在皮层显示 (**Within Matlab on Surface**)
 - 选择标准大脑模板：点击“...”添加 NIRS-KIT 模板文件夹中的 **surf_mni_icbm152_gm_tal_nlin_sym_09a.mat** 文件，这个文件是从 icbm152 非线性图集(2009 版)中提取的模板文件(<https://www.mcgill.ca/bic/icbm152-152-nonlinear-atlases-version-2009>);
 - b. 如果选择输出 nii 文件 (**Output Volume *.nii File**)。
 - 选择标准大脑模板：点击“...”添加 NIRS-KIT 模板文件夹中的 **surf_mni_icbm152_gm_tal_nlin_sym_09a.mat** 文件，这个文件是从 icbm152 非线性图集(2009 版)中提取的模板文件(<https://www.mcgill.ca/bic/icbm152-152-nonlinear-atlases-version-2009>);
- 3) 设置小球半径，设置颜色条范围(如果需要)，是否使用皮层(以及皮层的透明度)，是否使用灯光；
- 4) 点击“View”，以绘制并显示生成的脑图。然后将脑图旋转到合适的角度；
- 5) 点击“save”，设置输出路径和输出文件名，输出图片格式有*.tif or *.pdf 两种。

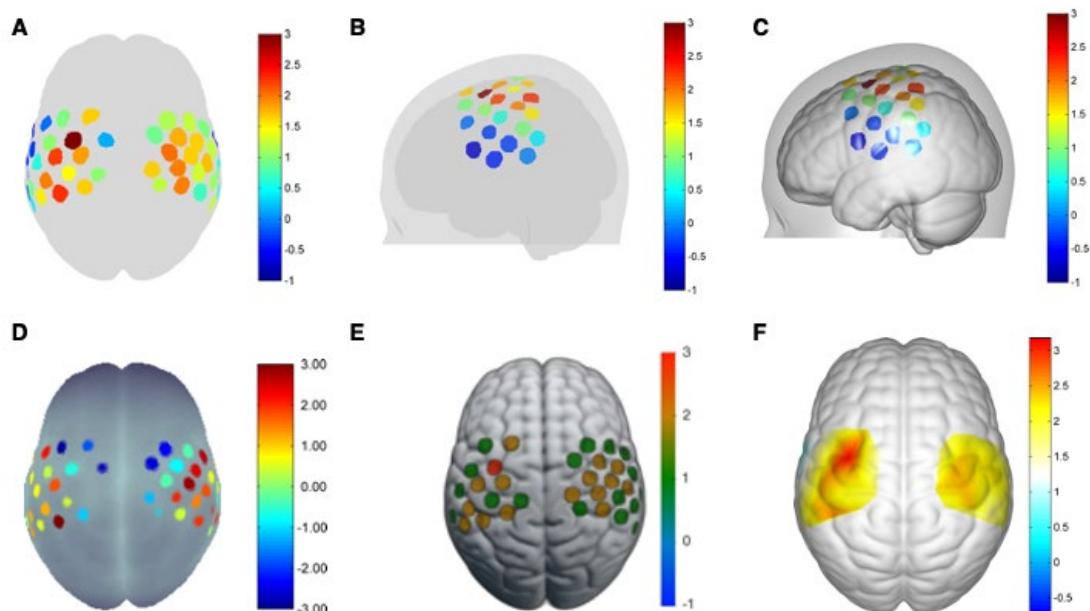


图 4.6.2.3 3D 可视化脑图。(A-C)：在大脑模板上使用 Matlab 进行没有插值 3D 可视化；(A) 没有皮层，没有灯光；(B) 有皮层，没有灯光；(C) 有皮层，有灯光；(D) 使用 nfri_mni_plot 函数绘制结果脑图；(E) 通过加载生成的 NFTI 文件，使用 MRIcroGL 显示 fNIRS 分析结果；(F) 3D 插值可视化。

5. 静息态 fNIRS 数据分析

NIRS-KIT 中的静息态 fNIRS 模块（图 5）提供了数据准备、数据检查、预处理、个体水平分析、组水平统计和结果可视化等主要功能。

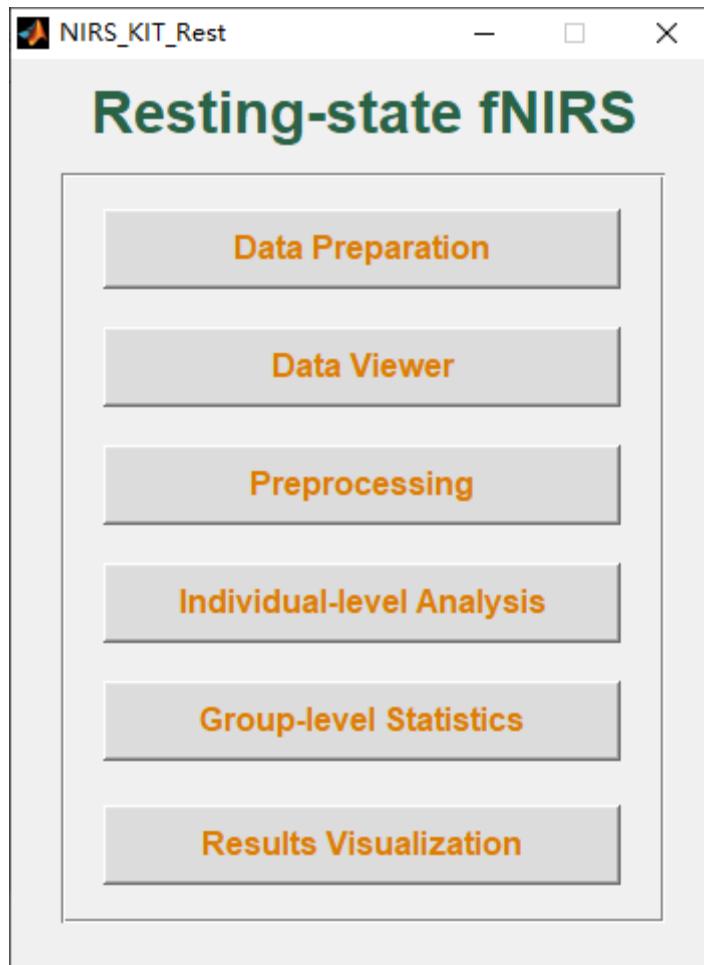


图 5 静息态 fNIRS 模块的主界面

5.1 数据预处理

任务态 fNIRS 数据准备和静息态 fNIRS 数据准备之间没有区别（参阅[第 4.3 节](#)）。

5.2 数据预览与质量控制

静息态 fNIRS 模块中的 Data Viewer（图 5.2）与任务态模块中的 Data Viewer 功能相同，只是没有用于绘制任务参考波的任务特定面板。请参阅[第 4.2.1 节](#)数据预览和数据质量检查。

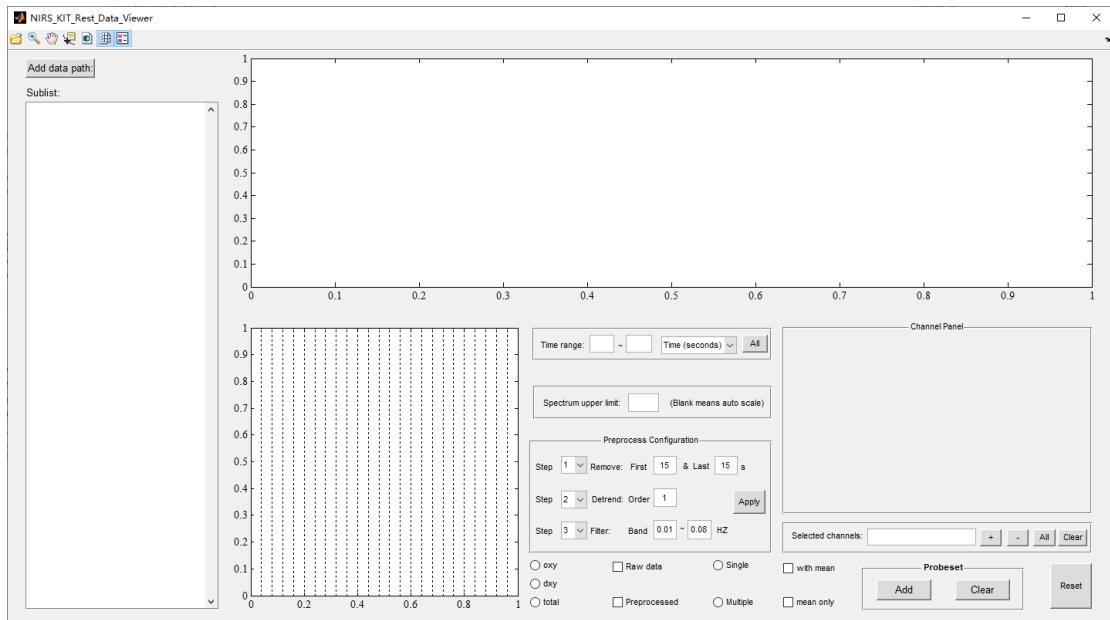


图 5.2 静息态 fNIRS 模块的主界面

5.3 预处理

预处理模块是 NIRS-KIT 任务态和静息态分析共用的。请参阅[第 4.3 节](#)预处理。对于静息态数据，低频波动（0.01~0.08 Hz）具有生理重要意义，可能反映自发神经活动。

注意：在进行 fALFF 分析时，应采用带通滤波以保留神经信号的整个频带，频带范围选择可参考 fMRI 研究中的 fALFF 分析（通常为 0~0.25Hz）。

5.4 个体水平分析

静息态 fNIRS 数据预处理后，进行个体水平的统计分析，以计算功能连接性（FC）、低频振幅（amplitude low-frequency fluctuation）(ALFF, Yu-Feng et al., 2007)、比率 ALFF (fALFF, Zou et al., 2008)。此外，NIRS-KIT 可以生成功能连接矩阵，该矩阵可用作 Gretna(Wang et al., 2015) 的输入来计算网络指标。

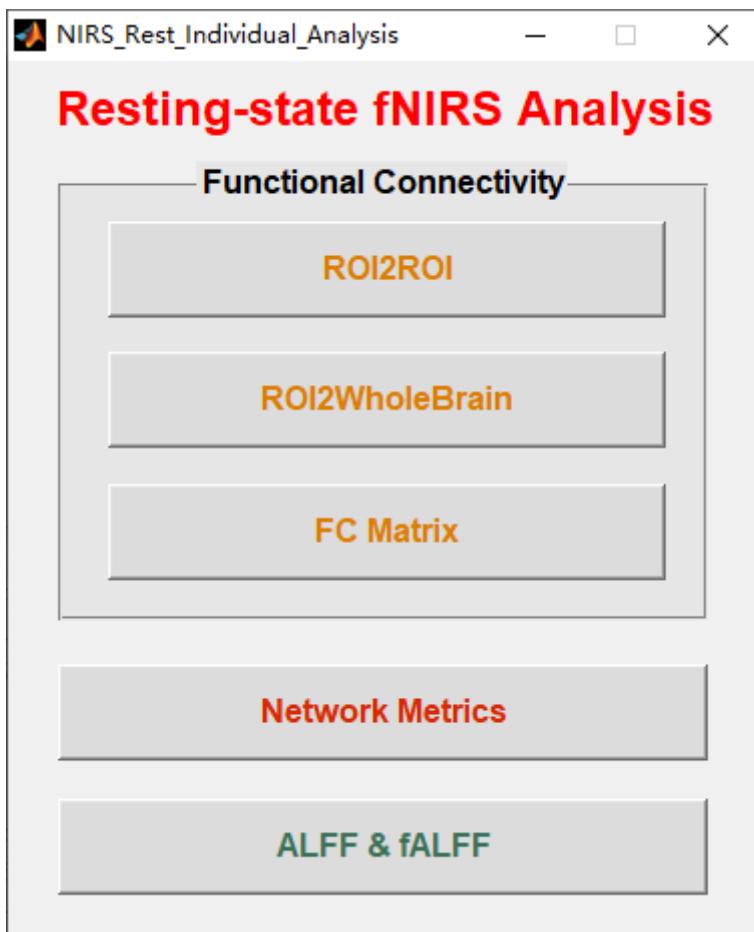


图 5.4 静息态 fNIRS 个体水平分析主界面

5.4.1 Functional connectivity analysis

通过 NIRS-KIT 进行 ROI2ROI 功能连接、ROI2Wholebrain 功能连接 和 功能连接矩阵分析 (FC Matrix analysis) 。

5.4.1.1 ROI2ROI 功能连接分析

点击图 5.3 所示的“ROI2ROI”按钮，执行 ROI2ROI 功能连接性分析（图 5.4.1.1）。

- 1) 添加数据路径：文件夹中包含所有被试预处理后的静息态 fNIRS 数据，被试显示在右侧的文件列表面板中；
- 2) 设置输出路径；

- 3) 选择一个或多个要分析的信号类型 (oxy、dxy 或 total)；
- 4) 定义 ROI1：可以在 ROI1 的右侧文本框中键入一个或多个通道编号。当多个感兴趣的通道被定义为 ROI1 时（例如，通道 2 和通道 3 被定义为 ROI1，见图 5.4.1.1），首先生成平均时间序列，然后计算该平均时间序列与 ROI2 之间的功能连接性；
- 5) 定义 ROI2：可以在 ROI2 的右侧文本框中键入一个或多个通道编号。当多个感兴趣的通道被定义为 ROI2 时，首先生成平均时间序列，然后计算该平均时间序列与 ROI1 之间的功能连接性；
- 6) 选择输入的功能连接性 Fisher z 分数或原始时间序列相关系数结果；
- 7) 点击“Run”计算 ROI2ROI 功能连接性。

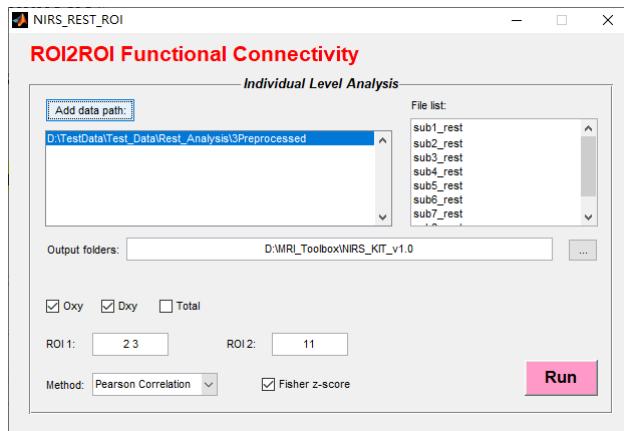


图 5.4.1.1 静息态 fNIRS ROI2ROI 功能连接分析

5.4.1.2 ROI2WholeBrain 功能连接分析

点击图 5.3 所示的“ROI2Wholebrain”按钮，在 fNIRS 数据中进行每个通道与 ROI 通道之间的功能连接分析（如图 5.4.1.2）。

- 1) 添加数据路径：文件夹中包含所有被试预处理后的静息态 fNIRS 数据，被试显示在右侧的文件列表面板中；
- 2) 设置输出路径；
- 3) 选择一个或多个要分析的信号类型 (oxy、dxy 或 total)；
- 4) 定义 ROI：可以在 ROI1 的右侧文本框中键入一个或多个通道编号。当多个感兴趣的通道被定义为 ROI 时，首先生成平均时间序列，然后计算该平均时间序列与 fNIRS 数据中每个通道之间的功能连接性；
- 5) 选择输入功能连接性 Fisher z 分数或原始时间序列相关系数结果；
- 6) 点击“Run”计算 ROI2Wholebrain 功能连接性。

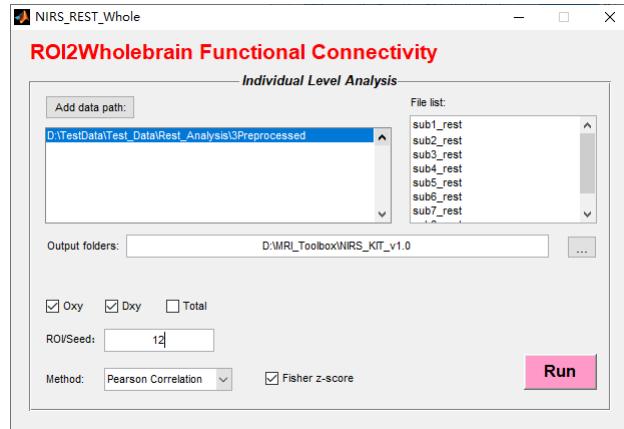


图 5.4.1.2 静息态 fNIRS ROI2WholeBrain 功能连接分析

5.4.1.3 功能连接矩阵分析

点击图 5.4 所示的“FC Matrix” 按钮，对每对通道进行功能连接分析，并输出 FC 矩阵（如图 5.4.1.3）。

- 1) 添加数据路径：文件夹中包含所有被试预处理后的静息态 fNIRS 数据，被试显示在右侧的文件列表面板中；
- 2) 设置输出路径；
- 3) 选择一个或多个要分析的信号类型（oxy、dxy 或 total）；
- 4) 选择输入功能连接性 Fisher z 分数或原始时间序列相关系数结果；
- 5) 点击“Run”计算功能连接矩阵。

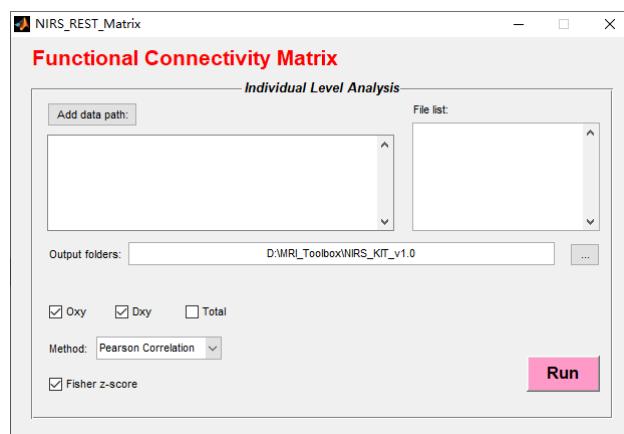


图 5.4.1.3 Resting-state fNIRS FC matrix analysis.

5.4.2 网络指标（Network metrics）分析

NIRS-KIT 可生成功能连接矩阵，该矩阵可用作 Gretna (Wang et al., 2015) 的输入，以计算网络指标，如全局网络指标（global network metrics）、小世界属性（small-world）、网络效率（efficiency 等）、节点和模块网络指标（聚类系数 clustering coefficient、度中心度 degree centrality 等）。

fNIRS 网络指标分析需要 Gretna。在执行 fNIRS 网络指标分析之前，应下载 Gretna (<http://www.nitrc.org/projects/gretna>) 并添加到 Matlab 搜索路径中。

步骤 1：生成网络连接矩阵

- 1) 添加数据路径：文件夹中包含所有被试预处理后的静息态 fNIRS 数据，被试显示在右侧的文件列表面板中；
- 2) 设置输出路径；
- 3) 选择一个或多个要分析的信号类型（oxy、dxy 或 total）；
- 4) 选择输入功能连接性 Fisher z 分数或原始时间序列相关系数结果；
- 5) 网络定义：在感兴趣的 Mask 内输入通道号（如图 5.4.2.1）；
- 6) 点击“Run”计算功能连接矩阵。

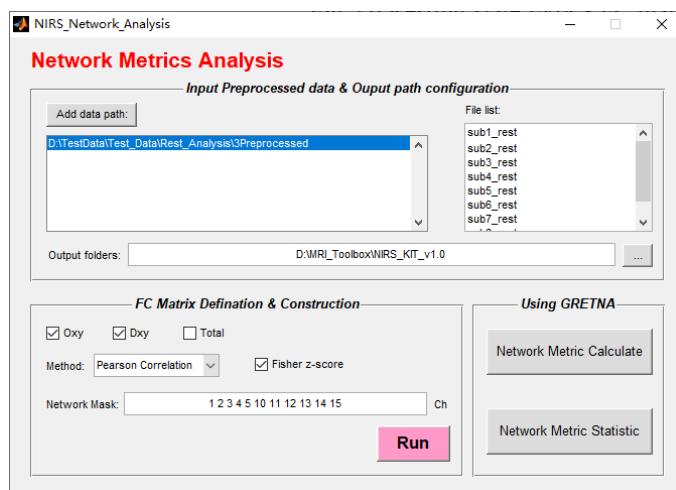


图 5.4.2.1 静息态 fNIRS 网络指标分析

步骤 2：网络指标计算和统计

- 点击图 5.4.2.1 中的“Network Metric Calculate”，打开 Gretna-Network Analysis 模块；将步骤 1 生成的 FC 矩阵文件添加到“Brain Connectivity Matrix”中；设置参数以执行网络指标分析（图 5.4.2.2 左图）。
- 点击图 5.4.2.1 中的“Network Metric Statistic”以执行组水平网络指标统计（图 5.4.2.2 右图）。

详细使用方法请参考 Gretna 手册，并引用下面的文章：

Wang, J., Wang, X., Xia, M., Liao, X., Evans, A., He, Y., 2015. GRETNA: a graph theoretical network analysis toolbox for imaging connectomics. *Front. Hum. Neurosci.* 9, 1–16.
<https://doi.org/10.3389/fnhum.2015.00386>.

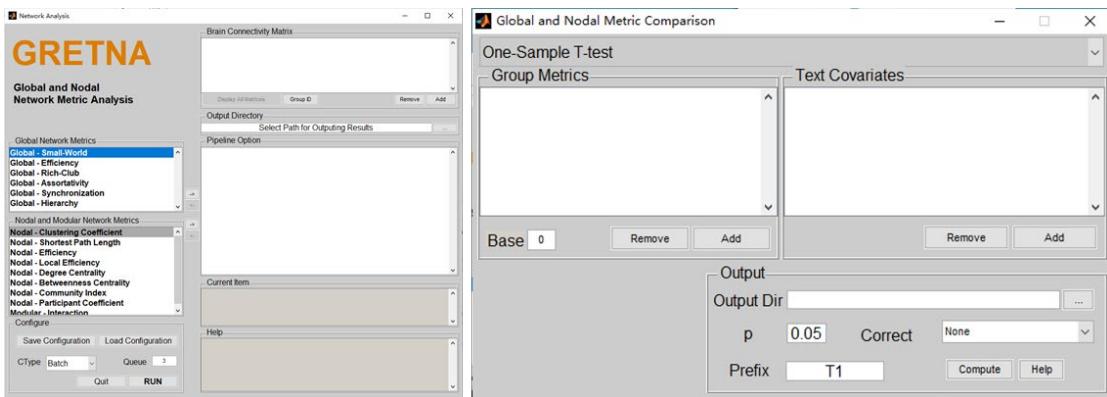


图 5.4.2.2 静息态 fNIRS 网络指标分析

5.4.3 ALFF 和 fALFF 分析

点击图 5.3 所示的“ALFF&FALF”按钮，执行静息态 fNIRS ALFF 或 FALF 分析(图 5.4.3)。

- 1) 添加数据路径：文件夹中包含所有被试预处理后的静息态 fNIRS 数据，被试显示在右侧的文件列表面板中；
- 2) 设置输出路径；
- 3) 选择一个或多个要分析的信号类型（oxy、dxy 或 total）；
- 4) 设置低频波动带幅值（Amplitude of Low-frequency Fluctuation Band）；
- 5) 选择要计算的指标类型；
- 6) 点击“Run”以计算相应的指标。

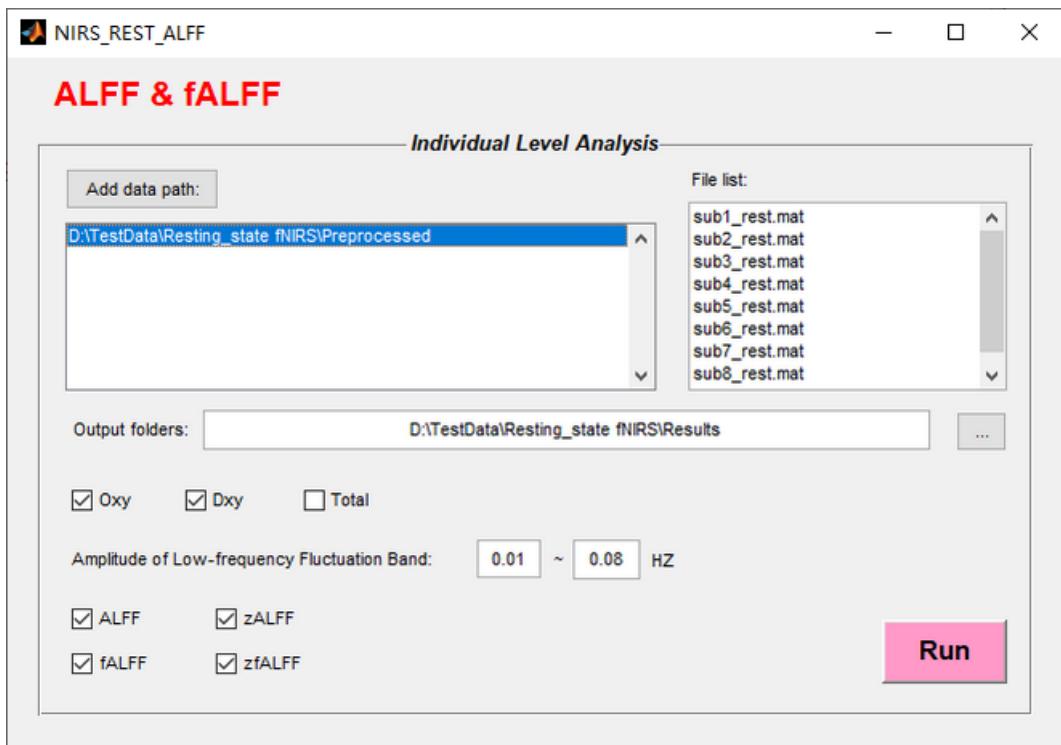


图 5.4.3 静息态 fNIRS ALFF 和 fALFF 分析

5.5 组水平统计

请参阅[第 4.5 节](#)对静息态 fNIRS 个体结果进行组水平统计。

注意: 由于 FC 矩阵的输出结果格式与其他个体结果指标不同, 选中“FC matrix”复选框然后选择相应的统计模型以执行组水平 FC 矩阵分析(图 5.5 右侧)。

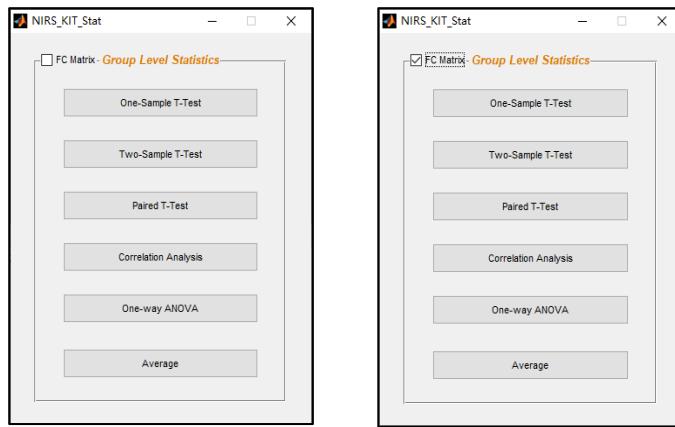


图 5.5 静息态 fNIRS 组水平统计

5.6 结果可视化

NIRS-KIT 提供 2D 和 3D 可视化功能，以可视化静息态 fNIRS 个体水平分析指标或组水平统计结果（通道水平或功能连接矩阵结果，见图 5.6）。

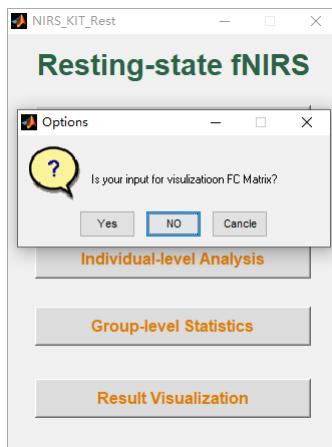


图 5.6 静息态 fNIRS 组水平统计

5.6.1 通道水平可视化

点击静息态 fNIRS 分析主界面中的“Result Visualization”按钮，弹出选项窗口（图 5.6）；选择“No”打开与任务态 fNIRS 结果可视化相同的可视化界面（图 5.6.0），以可视化静息态 fNIRS 通道水平分析结果（如 ROI2WholeBrain 和 ALFF/fALFF 结果）。

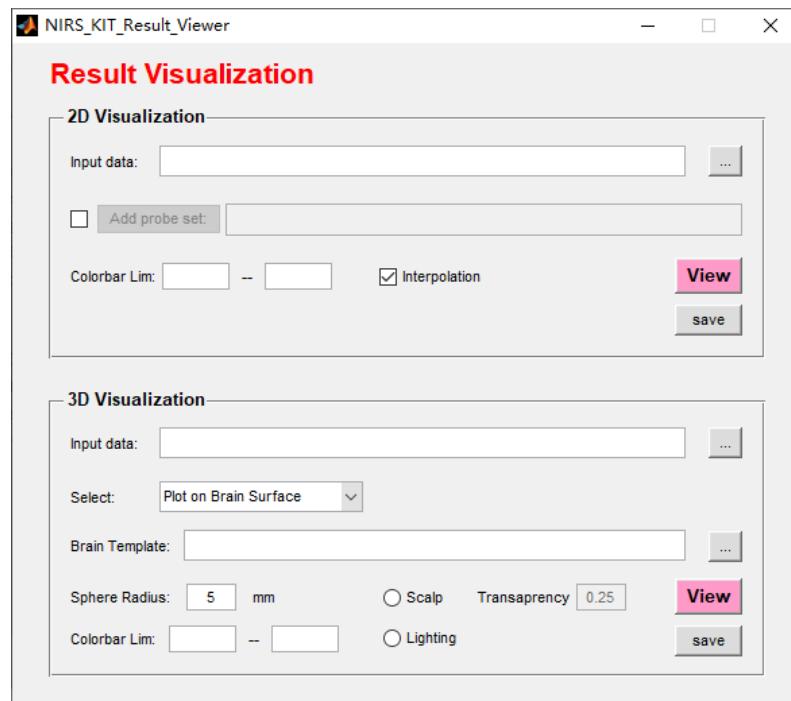


图 5.6.0 NIRS-KIT 结果可视化主界面

5.6.1.1 2D channel-wise visualization

- 1) 由于 ROI2ROI 功能连接结果只有一个统计值，因此不适合绘制 2D 结果图；
- 2) 在执行 ROI2Wholebrain 功能结果可视化时，不建议使用插值映射结果。NIRS-KIT 将自动识别 ROI 通道，在不填充颜色的情况下把通道圈出来（如图 5.6.1.1）；
- 3) ALFF/fALFF 2D 结果可视化直接参考[第 4.6.1 节](#)。

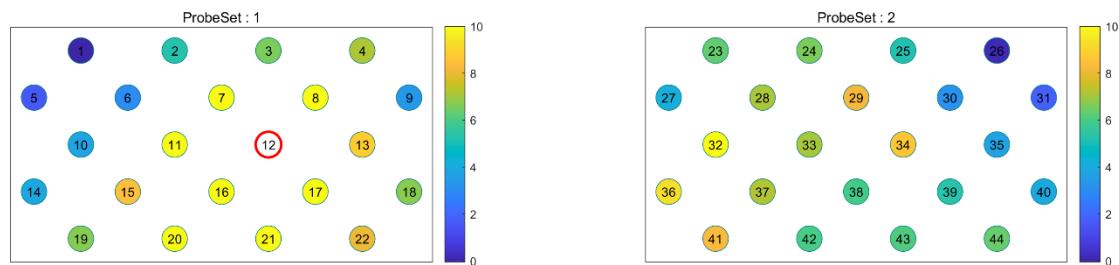


图 5.6.1.1 ROI2 Wholebrain 功能连接的可视化 (ROI = 通道 12).

5.6.1.2 3D 通道水平可视化

请参阅[第 4.6.2 节](#)。

5.6.2 功能连接矩阵可视化

在静息态 fNIRS 分析主界面点击“Result Visualization”按钮，弹出选项窗口（图 5.6.2）；选择“Yes”打开图 5.6.2，以可视化静息态功能连接矩阵结果。

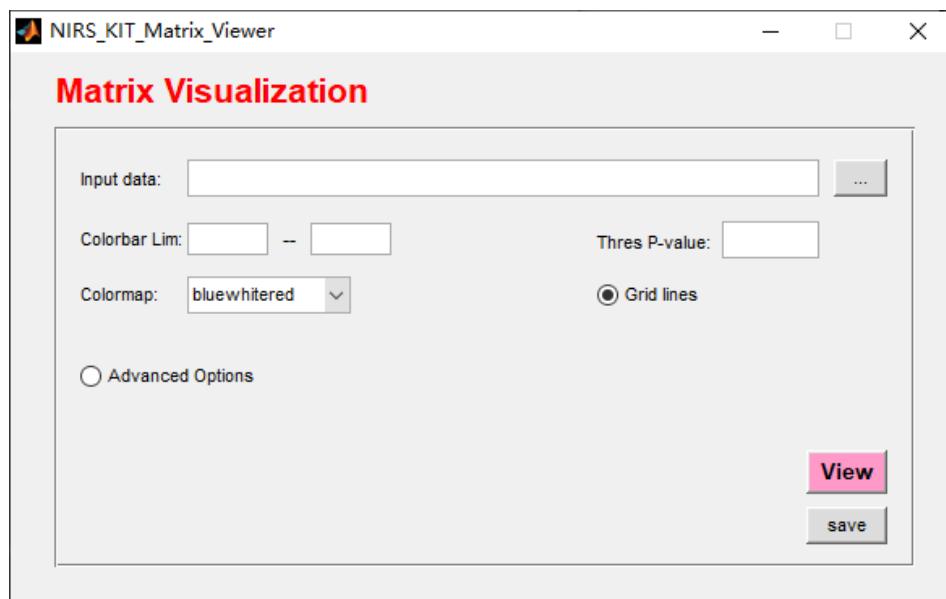


图 5.6.2 功能连接矩阵结果可视化主界面

5.6.2.1 功能矩阵的基础可视化

- 1) 点击“...”按钮，添加个体水平或组水平连接矩阵结果；
- 2) 可以选择设置下限和上限，以限制数据的色阶；
- 3) 设置阈值 **p-value**（默认值：null），大于 p 阈值的 p 值的统计值将归零；
- 4) 选择 **Colormap**；
- 5) 选择是否显示网格线；
- 6) 点击“View”绘制 FC 矩阵图，然后点击“Save”保存结果图（图 5.6.2.1）。

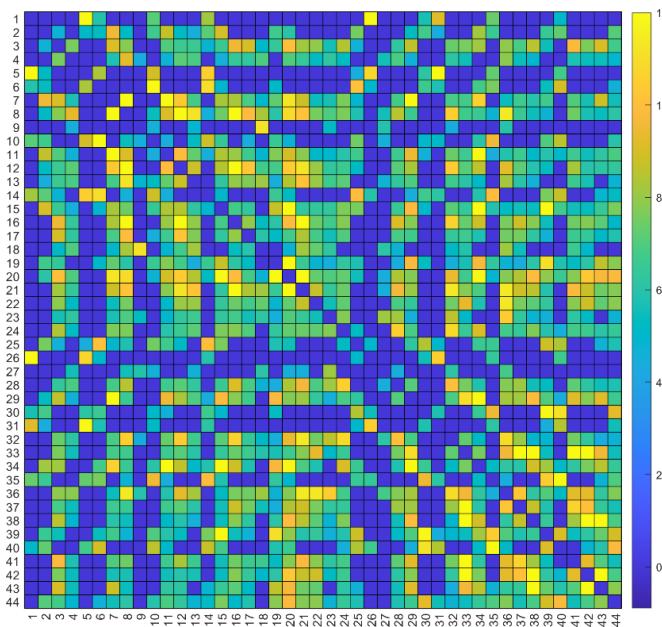


图 5.6.2.1 功能连接矩阵的基础可视化

5.6.2.2 功能连接矩阵的高级可视化

对于重新排序或切割显示的矩阵，NIRS-KIT 功能连接矩阵可视化支持高级可视化功能，绘制连接矩阵的子网络，并输出用于 3D 可视化的节点和边文件（带有每个通道的 MNI 信息）。

● 重新排序或切割显示的矩阵

- 1) 选择在图 5.6.2 中显示的“Advanced Options”，然后出现“Advanced Inf.xlsx:”（图 5.6.2.2a）；
- 2) 点击“...”按钮以添加一个高级信息文件 (*.xlsx，见示例文件夹中的 **Temp_FC_Matrix_Inf.xlsx**，和图 5.6.2.2b），单个列中显示一个新的通道 ID。未包含在 xlsx 文件中的通道将被切割；
- 3) 点击“View”以绘制新的 FC 矩阵图，然后点击“Save”以保存结果图。

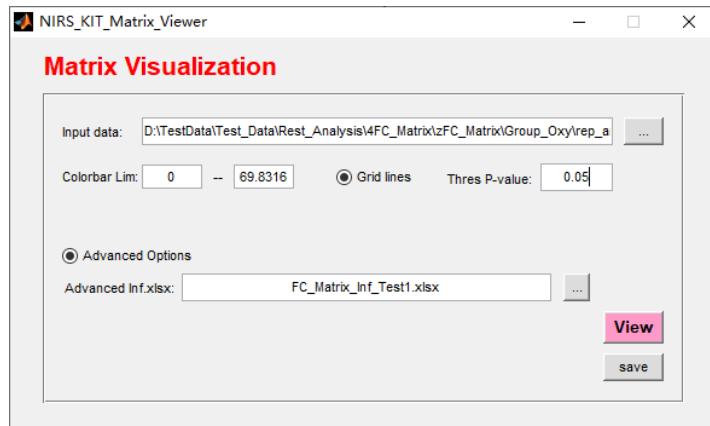


图 5.6.2.2a 对显示的矩阵通道进行重新排序的功能连接矩阵结果可视化主界面

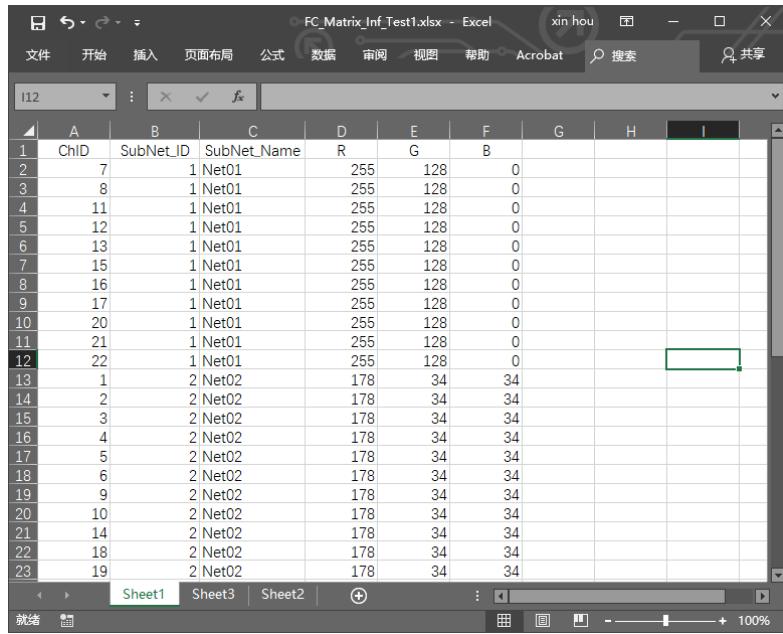
	A	B	C	D	E	F	G	H
1	ChID							
2		7						
3		8						
4		11						
5		12						
6		13						
7		15						
8		16						
9		17						
10		20						
11		21						
12		22						
13		1						
14		2						
15		3						
16		4						
17		5						
18		6						
19		9						
20		10						
21		14						
22		18						
23		19						

图 5.6.2.2b 重新排序或切割功能连接矩阵的 excel 示例

● 绘制功能连接矩阵的子网络

- 1) 点击图 5.6.2.2a 中的“...”按钮，添加一个高级信息文件 (*.xlsx，见图 5.6.2.2c)，用于绘制带有子网络的 FC 矩阵。输入的 xlsx 中需要六列：第一列是通道编号；第二列是子网络编号；第三列是子网络名称；第四列至第六列是 RGB 颜色值。然后出现“SubNet View Type”选项（见图 5.6.2.2d）；
- 2) 点击“View”以绘制新的带有子网络的 FC 矩阵图，然后点击“Save”以保存结果图（见图 5.6.2.2e）。

NIRS-KIT 用户使用手册



The screenshot shows an Excel spreadsheet titled "FC_Matrix_Inf_Test1.xlsx". The data is organized into columns A through I. Column A is labeled "ChID", column B is "SubNet_ID", column C is "SubNet_Name", column D is "R", column E is "G", column F is "B", and columns G, H, and I are empty. The rows represent different nodes, with values ranging from 1 to 23. The data shows two distinct groups of nodes: one group (rows 1-12) is associated with "Net01" and has R values of 255, while the other group (rows 13-23) is associated with "Net02" and has R values of 178. Columns E, F, and G all have values of 128, and column B has values of 0.

ChID	SubNet_ID	SubNet_Name	R	G	B			
1								
2	7	1 Net01	255	128	0			
3	8	1 Net01	255	128	0			
4	11	1 Net01	255	128	0			
5	12	1 Net01	255	128	0			
6	13	1 Net01	255	128	0			
7	15	1 Net01	255	128	0			
8	16	1 Net01	255	128	0			
9	17	1 Net01	255	128	0			
10	20	1 Net01	255	128	0			
11	21	1 Net01	255	128	0			
12	22	1 Net01	255	128	0			
13	1	2 Net02	178	34	34			
14	2	2 Net02	178	34	34			
15	3	2 Net02	178	34	34			
16	4	2 Net02	178	34	34			
17	5	2 Net02	178	34	34			
18	6	2 Net02	178	34	34			
19	9	2 Net02	178	34	34			
20	10	2 Net02	178	34	34			
21	14	2 Net02	178	34	34			
22	18	2 Net02	178	34	34			
23	19	2 Net02	178	34	34			

图 5.6.2.2c 绘制功能连接矩阵子网络的 excel 示例

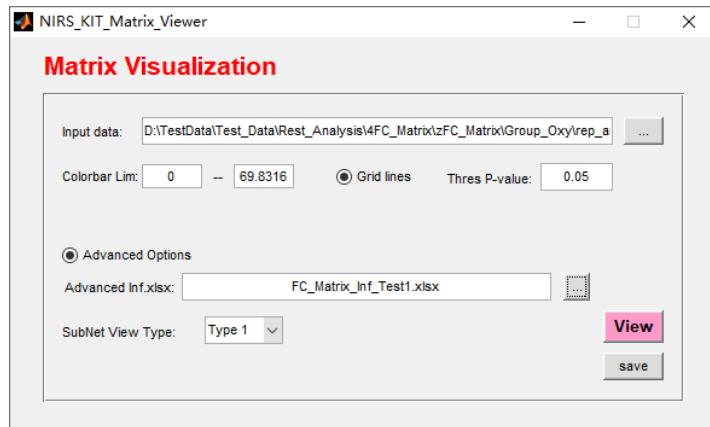


图 5.6.2.2d 对显示的矩阵通道进行重新排序的 FC 矩阵结果可视化主界面

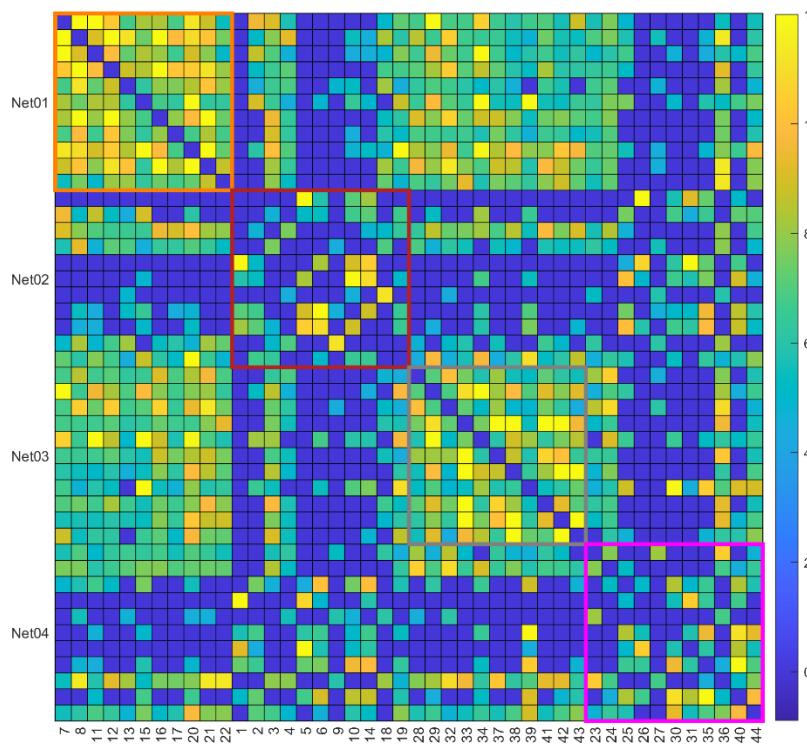


图 5.6.2.2e 绘制功能连接矩阵子网的 excel 示例

- 生成网络节点和边文件

- 1) 点击图 5.6.2.2a 中的“...”按钮，添加一个高级信息文件 (*.xlsx，见图 5.6.2.2f)，其中包含用于生成网络节点和边缘文件的每个通道的 MNI 坐标。输入的 xlsx 中需要第 1 列和第 7-10 列：第 7-9 列是 MNI 坐标(X, Y, Z)；第 10 列是节点大小；
- 2) 然后出现“Generate Node & Edge files for 3D visualization”复选框，选中这个选项（图 5.6.2.2g）；
- 3) 点击“View”以绘制新的 FC 矩阵图，然后点击“Save”以保存生成的结果图以及节点和边缘文件；
- 4) 然后使用其他脑网络可视化工具箱（比如 BrainNet Viewer, Xia et al., 2013）加载节点和边缘文件，制作 3D 大脑连接谱图（图 5.6.2.2h）。

NIRS-KIT 用户使用手册

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
1	ChID	SubNet_ID	SubNet_Name	R	G	B	MNI_x	MNI_y	MNI_z	Node_Size
2	7	1	Net01	255	128	0	54	-6	53	1
3	8	1	Net01	255	128	0	64	-11	38	1
4	11	1	Net01	255	128	0	49	-16	61	1
5	12	1	Net01	255	128	0	61	-21	49	1
6	13	1	Net01	255	128	0	68	-26	31	1
7	15	1	Net01	255	128	0	39	-25	67	1
8	16	1	Net01	255	128	0	54	-28	57	1
9	17	1	Net01	255	128	0	63	-34	42	1
10	20	1	Net01	255	128	0	42	-37	65	1
11	21	1	Net01	255	128	0	55	-42	53	1
12	22	1	Net01	255	128	0	62	-49	34	1
13	1	2	Net02	178	34	34	32	10	64	1
14	2	2	Net02	178	34	34	49	9	54	1
15	3	2	Net02	178	34	34	59	4	41	1
16	4	2	Net02	178	34	34	67	-4	20	1
17	5	2	Net02	178	34	34	22	-1	71	1
18	6	2	Net02	178	34	34	41	-2	64	1
19	9	2	Net02	178	34	34	70	-17	16	1
20	10	2	Net02	178	34	34	33	-14	70	1
21	14	2	Net02	178	34	34	20	-26	74	1
22	18	2	Net02	178	34	34	67	-41	22	1
23	19	2	Net02	178	34	34	25	-36	71	1

图 5.6.2.2f 绘制网络连接矩阵所需 excel 文件示例

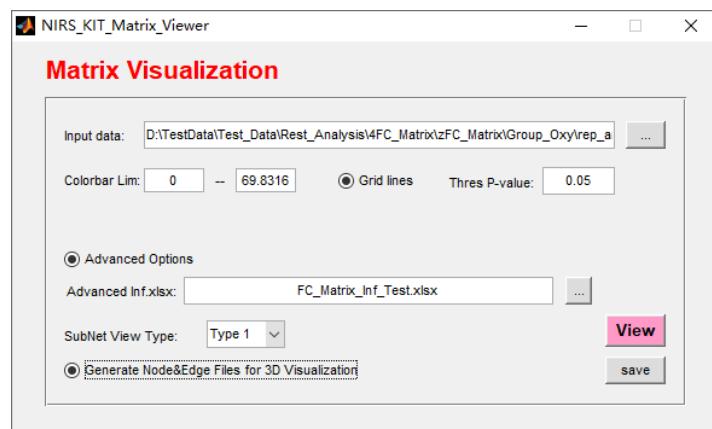


图 5.6.2.2g 绘制网络连接矩阵界面

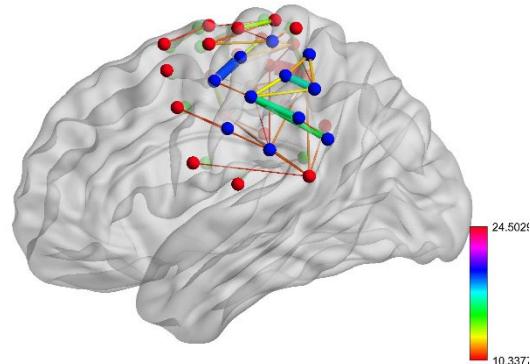


图 5.6.2.2h 使用 BrainNet Viewer 的 FC 矩阵的 3D 可视化

参考文献

- Cope, M., David T. Delpy, 1988. System for long-term measurement of cerebral blood and tissue oxygenation on newborn infants by near infra-red transillumination. *Med. Biol. Eng.* 26, 289–294.
- Cui, X., Bray, S., Reiss, A.L., 2010. Functional near infrared spectroscopy (NIRS) signal improvement based on negative correlation between oxygenated and deoxygenated hemoglobin dynamics. *Neuroimage* 49, 3039–3046.
<https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2009.11.050>
- Fishburn, F.A., Ludlum, R.S., Vaidya, C.J., Medvedev, A. V., 2019. Temporal Derivative Distribution Repair (TDDR): A motion correction method for fNIRS. *Neuroimage* 184, 171–179. <https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2018.09.025>
- Hou, X., Zhang, Z., Zhao, C., Duan, L., Gong, Y., Li, Z., Zhu, C., 2021. NIRS-KIT: a MATLAB toolbox for both resting-state and task fNIRS data analysis. *Neurophotonics* 8. <https://doi.org/10.1117/1.NPh.8.1.010802>
- Huppert, T.J., Diamond, S.G., Franceschini, M.A., Boas, D.A., 2009. HomER: A review of time-series analysis methods for near-infrared spectroscopy of the brain. *Appl. Opt.* 48. <https://doi.org/10.1364/AO.48.00D280>
- Shattuck, D.W., Mirza, M., Adisetiyo, V., Hojatkashani, C., Salamon, G., Narr, K.L., Poldrack, R.A., Bilder, R.M., Toga, A.W., 2008. Construction of a 3D probabilistic atlas of human cortical structures. *Neuroimage* 39, 1064–1080.
<https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2007.09.031>
- Singh, A.K., Okamoto, M., Dan, H., Jurcak, V., Dan, I., 2005. Spatial registration of multichannel multi-subject fNIRS data to MNI space without MRI. *Neuroimage* 27, 842–851. <https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2005.05.019>
- Tian, F., Lin, Z.-J., Liu, H., 2013. EasyTopo: A toolbox for rapid diffuse optical topography based on a standard template of brain atlas, in: Tromberg, B.J., Yodh, A.G., Sevick-Muraca, E.M. (Eds.), *Optical Tomography and Spectroscopy of Tissue X*. p. 85782J. <https://doi.org/10.1117/12.2003907>
- Tzourio-Mazoyer, N., Landeau, B., Papathanassiou, D., Crivello, F., Etard, O., Delcroix, N., Mazoyer, B., Joliot, M., 2002. Automated anatomical labeling of activations in SPM using a macroscopic anatomical parcellation of the MNI MRI single-subject brain. *Neuroimage* 15, 273–289. <https://doi.org/10.1006/nimg.2001.0978>
- Wang, J., Wang, X., Xia, M., Liao, X., Evans, A., He, Y., 2015. GRETNA: a graph theoretical network analysis toolbox for imaging connectomics. *Front. Hum. Neurosci.*

- 9, 1–16. <https://doi.org/10.3389/fnhum.2015.00386>
- Xia, M., Wang, J., He, Y., 2013. BrainNet Viewer: A Network Visualization Tool for Human Brain Connectomics. *PLoS One* 8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0068910>
- Xiao, X., Yu, X., Zhang, Z., Zhao, Y., Jiang, Y., Li, Z., Yang, Y., Zhu, C., 2018. Transcranial brain atlas. *Sci. Adv.* 4, eaar6904. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aar6904>
- Yamada, T., Umeyama, S., Matsuda, K., 2012. Separation of fNIRS Signals into Functional and Systemic Components Based on Differences in Hemodynamic Modalities. *PLoS One* 7, e50271. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0050271>
- Yu-Feng, Z., Yong, H., Chao-Zhe, Z., Qing-Jiu, C., Man-Qiu, S., Meng, L., Li-Xia, T., Tian-Zi, J., Yu-Feng, W., 2007. Altered baseline brain activity in children with ADHD revealed by resting-state functional MRI. *Brain Dev.* 29, 83–91.
<https://doi.org/10.1016/j.braindev.2006.07.002>
- Zou, Q.-H., Zhu, C.-Z., Yang, Y., Zuo, X.-N., Long, X.-Y., Cao, Q.-J., Wang, Y.-F., Zang, Y.-F., 2008. An improved approach to detection of amplitude of low-frequency fluctuation (ALFF) for resting-state fMRI: Fractional ALFF. *J. Neurosci. Methods* 172, 137–141. <https://doi.org/10.1016/j.jneumeth.2008.04.012>