

# 嗅球神经细胞网络建模及其信息编码的研究

刘 峰<sup>1,2</sup>, 叶学松<sup>1,2,3</sup>, 沈小妹<sup>1,2,3</sup>, 夏 灵<sup>1,2</sup>

(1. 浙江大学生物医学工程系, 浙江杭州 310027;

2. 生物医学工程教育部重点实验室, 浙江杭州 310027; 3. 浙江大学求是高等研究院, 浙江杭州 310027)

**摘 要:** 在嗅球生理解剖结构的基础上, 首次建立了结构相对完整的球旁细胞(PG)、僧帽细胞(MC)和颗粒细胞(GC)离子通道及其细胞网络树突触联结中神经递质传导的神经电生理网络模型。模型初步揭示了嗅球对来自于嗅感觉神经元电信号的瞬时同步时空编码机制以及嗅球的气味分辨机制, 为下一步定量地探索研究 PG、MC 和 GC 细胞在嗅球编码中的不同作用机制, 以及基于嗅球生理结构的气味模式识别的研究打下了基础。

**关键词:** 嗅觉系统; 神经网络建模; 嗅球; 嗅觉编码

**中图分类号:** TP391.9 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2009) 08-1718-05

## Network Modeling of Olfactory Bulb Neurons and Study of Information Coding

LIU Feng<sup>1,2</sup>, YE Xue-song<sup>1,2,3</sup>, SHEN Xiao-mei<sup>1,2,3</sup>, XIA Ling<sup>1,2</sup>

(1. Department of Biomedical Engineering, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang 310027, China;

2. Key Laboratory of BME of the Ministry of Education, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang 310027, China;

3. Qiushi Academy for Advanced Studies, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang 310027, China)

**Abstract:** On the basis of the bulb physiological anatomic structure, a comparatively integrated bulb neural electrophysiological model incorporating periglomerular cells (PG), mitral cells (MC) and granule cells (GC) is constructed here originally by means of their ion channels and neurotransmitters among the dendrodendritic synapses in the neural cell network. This model preliminarily reveals the mechanisms of spatiotemporal coding of the odor information from olfactory sensory neurons and odor recognition of the bulb. It lays a good foundation for the further studies of the different mechanisms of PG, MC and GC cells in olfactory bulb coding as well as the odor pattern recognition based on the bulb physiological structure.

**Key words:** olfactory system; neural network modeling; olfactory bulb; olfactory coding

### 1 引言

嗅觉是气味分子接触嗅区粘膜刺激嗅细胞产生的神经冲动经嗅神经、嗅球、嗅束传至皮层中枢所产生的化学感觉系统。相对于具有时空结构的视觉、听觉感受信息来说, 嗅觉系统信息编码的研究比较容易找到突破点<sup>[1]</sup>。嗅觉神经系统的研究对感觉神经系统、脑信息处理机制和记忆机制的探索和认知具有非常重要的价值<sup>[2]</sup>。目前, 人们对于嗅觉系统的机理尚处于探索阶段, 这主要是由于鼻腔的复杂结构及嗅区的特殊生理位置, 为直接的嗅觉实验研究带来了不少困难。所以为了更有效的研究嗅觉机理, 人们引入了实验的定性研究与模型的定量分析相结合的新方法。

在嗅觉系统中, 嗅球作为嗅觉传导通路的第一个突

触中继中枢, 是对嗅觉信息进行整合和编码的重要部位<sup>[3]</sup>。从嗅球的生理解剖上看, 颗粒细胞的树突与僧帽细胞的二级树突形成突触回路, 而球旁细胞调节来自嗅觉感受神经元的信号并和僧帽细胞的初级树突进行交互作用, 把信号传递到僧帽细胞。因此, 僧帽细胞的电活动受到通过树状树突突触连接的颗粒和球旁细胞的共同调制。由于嗅球内颗粒和球旁细胞网络结构连接特性的差异, 目前颗粒细胞被认为造成嗅球神经元同步化输出的主要原因<sup>[4]</sup>, 而球旁细胞可能在功能上不同于颗粒细胞的抑制作用<sup>[5]</sup>, 对于这些中间神经元起的作用目前尚在猜测中。在生物进化过程中球旁细胞的出现可能与为适应相比水体生活环境不同性质的陆地环境的气味识别有关<sup>[6]</sup>。对于这些嗅觉生理机理及其在信息编码中起的作用尚未有确切和定量的分析方法。随着人们对

收稿日期: 2008-04-20; 修回日期: 2009-03-29

基金项目: 国家自然科学基金(No. 30300083); 教育部新世纪优秀人才基金(No. NCET-06-0527)

嗅觉各类细胞电生理特性以及复杂突触动力学过程了解的逐渐深入和计算机仿真计算能力的加强,基于离子通道及突触联结的电生理模型的研究成为了可能<sup>[7]</sup>.在细胞离子通道以及细胞网络突触联结神经递质传递的微观层次上,目前嗅球的电生理模型主要是由僧帽和颗粒细胞构成的两层模型<sup>[8]</sup>,而忽略了另一种比较重要的嗅觉中间神经元球旁细胞的作用.鉴于此,本文在模型中引入了球旁细胞,首次建立了包括球旁细胞,僧帽细胞,颗粒细胞及这些细胞之间树树突突触联结的相对完整的嗅球电生理网络模型,并在该模型基础上,从同步振荡时空编码的角度初步分析研究了嗅觉信息的编码机制.此模型的建立对于下一步从嗅球整体结构出发综合、定量地分析(如引入同步化指数的编码研究方法)嗅球中神经细胞在信息编码中起的作用,以及基于嗅球生理结构的气味模式识别的研究建立了必要的基础.

## 2 嗅球神经细胞网络模型

### 2.1 单神经元建模

$$C_m \frac{dV_i}{dt} = \frac{(E_m - V_i)}{R_m} + \frac{(V_{i+1} - V_i)}{R_{a_{i,i+1}}} + \frac{(V_{i-1} - V_i)}{R_{a_{i,i-1}}} + \sum g_j (E_j - V_i) + I_s \quad (1)$$

$$I_j^{\text{int}} = g_j m^M h^N (E_j - V) \quad (2)$$

$$\frac{dx}{dt} = \alpha_x(V)(1-x) - \beta_x(V)x = (x_\infty(V) - x)/\tau_x(V) \quad (3)$$

$$\begin{cases} x_\infty(V) = \frac{\alpha_x(V)}{\alpha_x(V) + \beta_x(V)} \\ \tau_x(V) = \frac{1}{\alpha_x(V) + \beta_x(V)} \end{cases} \quad (4)$$

该网络模型包括哺乳动物嗅球中三类主要细胞:球旁细胞,僧帽细胞和颗粒细胞.其中僧帽细胞和颗粒细胞建模成简化的三室细胞模型,球旁细胞为单室模型.模型中僧帽细胞由初级树突的嗅小球丛(Glomerular tuft),胞体(Soma)和二级树突(Secondary dendrites)三室组成,其主要的离子通道类型有快速钠离子(Na),快速延迟整流钾电流(Kfast),慢速延迟整流钾电流(K),短暂外向钾电流(KA),电压和钙离子依赖性钾电流(KCa)和L-型钙通道电流(LCa).颗粒细胞由外围树突(Peripheral dendrites),胞体(Soma)和深部树突(Deep dendrites)三室组成,其主要的离子通道类型有钠离子(Na),慢速延迟整流钾电流(K),短暂外向钾电流(KA)和非灭活毒蕈碱型钾电流(KM).不同室具有的离子通道数是不同的<sup>[9]</sup>.球旁细胞为单室模型,主要有钠离子(Na),慢速延迟整流K电流(K),短暂外向钾电流(KA)

和瞬时钙电流(Ca)四种离子通道<sup>[10]</sup>.对于单个细胞模型,用式(1)表示,其中*i*代表当前计算的室,*j*代表某一种离子,*C<sub>m</sub>*为膜电容,*R<sub>m</sub>*为膜阻抗,*E<sub>m</sub>*为细胞静息电位,*R<sub>a<sub>i,i+1</sub></sub>*为第*i*个室和第*i+1*个室之间的阻抗值,*E<sub>j</sub>*为相应离子电流的翻转电压,*g<sub>j</sub>*为相应离子的电导值,*I<sub>s</sub>*为外界刺激电流.细胞离子电流都是基于H-H方程而建模的,该方程对神经细胞动作电位产生的原因及膜电特性都作了定量描述和详细分析,如式(2).门控变量 $0 \leq m(t), h(t) \leq 1$ 用一阶非线性微分方程(3)来建模,其中*x*代表相应的门控变量*m*或*h*, $\alpha_x(V)$ , $\beta_x(V)$ 为相应门控变量的转换速率常数, $x_\infty(V)$ 为稳态参数, $\tau_x(V)$ 为相应的时间常数,它们都是*V*的非线性函数,其对膜电位的依从关系是从实验中得到的.

### 2.2 突触电流模型

$$I_{\text{syn}} = g_{\text{syn}}[O](V - E_{\text{syn}}) \quad (5)$$

$$\frac{d[O]}{dt} = \alpha(1 - [O])[T] - \beta[O] \quad (6)$$

$$[T] = T_{\text{max}} / (1 + \exp[-(V_{\text{pre}} - V_p)/K_p]) \quad (7)$$

$$I_{\text{NMDA}} = g_{\text{NMDA}} B(V)[O](V - E_{\text{NMDA}}) \quad (8)$$

$$B(V) = 1 / (1 + \exp(-0.062V)[\text{Mg}^{2+}]_o / 3.57) \quad (9)$$

突触电流模型根据Destexhe等提出的简化的动力学模型而建立<sup>[11]</sup>,该网络模型中包含三类突触受体:GABA<sub>A</sub>受体,AMPA受体以及NMDA受体.其中GABA<sub>A</sub>和AMPA受体电流均可用一个简单的一阶激活电路 $C + T \xrightleftharpoons[\beta]{\alpha} O$ 来表示.电流由式(5)表示,其中*g<sub>syn</sub>*为相应受体的最大电导值,*E<sub>syn</sub>*为相应受体翻转电压,其中*E<sub>AMPA</sub>* = 0mV, *E<sub>GABA<sub>A</sub></sub>* = -70mV.开放通道分数[*O*]由式(6)表示,其中[*T*]为释放递质浓度.用公式(7)表示突触前电压和释放递质浓度之间的关系,其中*T<sub>max</sub>*为最大的递质浓度,*V<sub>pre</sub>*为突触前电压,*K<sub>p</sub>*决定了函数陡度,[*T*]在*V<sub>p</sub>*时达到最大递质浓度的一半.NMDA受体电流表达式和AMPA受体类似,如式(8),其中*E<sub>NMDA</sub>* = 0mV, *B(V)*为镁离子阻塞,由式(9)表示,其中[*Mg<sup>2+</sup>*]<sub>o</sub>为外部镁离子浓度,一般正常生理条件下为1~2mM.

### 2.3 网络拓扑结构和建模

网络模型分为三层,依次为球旁细胞层,僧帽细胞层和颗粒细胞层,每一层的细胞都排列成方阵,如图1所示.可以根据研究的需要,设定模型中每一类细胞的数量.每一个僧帽细胞和它周围一定范围内的球旁细胞和颗粒细胞随机地形成交互性树树突触,其联结范围也可以根据研究需要而设定,范围的中心点由该僧帽细胞投射到相应细胞层的坐标决定.僧帽细胞接受来自球旁细胞和颗粒细胞的以GABA<sub>A</sub>为递质的抑制性输入,球旁细胞和颗粒细胞接受来自僧帽细胞的以谷

氨酸为递质的兴奋性输入,其相应的受体为 AMPA 和 NMDA.可以根据需要引入球旁-球旁以及颗粒-颗粒联结,鉴于在显微镜下发现僧帽细胞间不存在突触联结,因此在模型中没有引入僧帽细胞间兴奋性的相互作用.

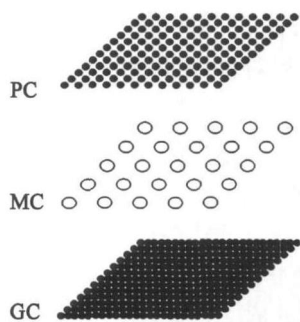


图1 嗅球电生理三层网络模型示意图

$$\begin{bmatrix} P_{i-[\frac{L_P * R_P}{2}], j-[\frac{L_P * R_P}{2}]} & \cdots & P_{i-[\frac{L_P * R_P}{2}], j} & \cdots & P_{i-[\frac{L_P * R_P}{2}], j+[\frac{L_P * R_P}{2}]} \\ \vdots & & \vdots & & \vdots \\ P_{i, j-[\frac{L_P * R_P}{2}]} & \cdots & P_{i, j} & \cdots & P_{i, j+[\frac{L_P * R_P}{2}]} \\ \vdots & & \vdots & & \vdots \\ P_{i+[\frac{L_P * R_P}{2}], j-[\frac{L_P * R_P}{2}]} & \cdots & P_{i+[\frac{L_P * R_P}{2}], j} & \cdots & P_{i+[\frac{L_P * R_P}{2}], j+[\frac{L_P * R_P}{2}]} \end{bmatrix} \quad (10)$$

定义与每一个僧帽细胞形成突触联结的球旁细胞阵列的边长和整体球旁细胞阵列边长的比率为  $R_P$ ;相应地,与每一个僧帽细胞形成突触联结的颗粒细胞的阵列的边长和整体颗粒细胞阵列边长的比率为  $R_G$ .假设球旁细胞阵列边长为  $L_P$ ,颗粒细胞阵列边长为  $L_G$ .以僧帽细胞和球旁细胞的联结为例,对于任意僧帽细胞  $M_n$ ,若其投射到球旁细胞层的坐标点的最近的细胞为  $P_{i,j}$ ,则和  $M_n$  联结的球旁细胞阵列如式(10).其中  $[\frac{L_P * R_P}{2}]$  表明取整数.为了避免边缘效应,建模时将每一层都看成是环面结构,即当  $(i - [\frac{L_P * R_P}{2}]) < 0$  或  $(j - [\frac{L_P * R_P}{2}]) < 0$  时,取其值为  $L_P + i - [\frac{L_P * R_P}{2}]$  或  $L_P + j - [\frac{L_P * R_P}{2}]$ ;当  $(i + [\frac{L_P * R_P}{2}]) > L_P$  或  $(j + [\frac{L_P * R_P}{2}]) > L_P$  时,取其值为  $i + [\frac{L_P * R_P}{2}] - L_P$  或  $j + [\frac{L_P * R_P}{2}] - L_P$ .该矩阵确定了僧帽细胞  $M_n$  和球旁细胞的突触联结,即决定了该僧帽细胞  $M_n$  接受来自球旁细胞的突触电流,如式(11).其中  $W_{k,i}$  为相应的突触联结概率.用同样的方法确定其他细胞间的相互的突触联结矩阵,即确定了网络的拓扑结构.

$$I_{synfromP}^M = \sum_{k=i-[\frac{L_P * R_P}{2}]}^{i+[\frac{L_P * R_P}{2}]} \sum_{l=j-[\frac{L_P * R_P}{2}]}^{j+[\frac{L_P * R_P}{2}]} W_{k,i} I_{P_{k,l} \rightarrow M_n} \quad (11)$$

模型在 Matlab 环境下建立,主要运用欧拉公式来整合整个模型,其步长为 0.01ms.模型中每一部分的电流输入都独立封装成函数,所以随着对嗅球中各类细胞进一步地研究了解,如果需要引入新的突触电流等,可以易于扩展该模型.

### 3 基于同步振荡的嗅觉信息编码的研究

在上述嗅球电生理网络模型的基础上,结合嗅球中各类神经元数量的实际比例并同时考虑到计算资源,构造具有 25 个僧帽细胞,144 个球旁细胞和 625 个颗粒细胞的网络模型.模型中球旁细胞/僧帽细胞以及颗粒细胞/僧帽细胞的比率虽然低于生理上的实际比率,但是已经保证了球旁细胞和颗粒细胞远远多于僧帽细胞,并且球旁细胞和颗粒细胞的比率符合生理上的实际比率.模型中和每一个僧帽细胞形成突触联结的球旁细胞阵列以及颗粒细胞阵列的范围分别为  $R_P = 0.5, R_G = 0.5$ ,联结的随机概率为 0.8.由于球旁细胞之间有相互的抑制作用,所以在模型中引入了球旁-球旁联结,且因为球旁细胞是短突触细胞,这里设定与每一个球旁细胞形成互抑制的球旁细胞的阵列半径为  $0.12 * L_P$ .僧帽细胞的初级树突以及球旁细胞接受外界电流刺激,计算时用输入到每一个细胞的电流相对幅值不同来模拟一种气味的输入,其中输入到僧帽细胞的刺激电流均匀分布于  $[0.5 \sim 1] * 1.7nA$  之间,输入到球旁细胞的刺激电流均匀分布于  $[0 \sim 1] * 30pA$  之间,并在刺激中加入了幅值为最大刺激幅值的 1~10% 的白噪声.通过对该模型的仿真计算(仿真时间为 1000ms)来研究嗅球神经元对不同刺激信息的编码.

图 2(a)和图 2(b)为网络模型中,任意两个僧帽细胞以及任意两个球旁细胞的输出电压响应.图 2(c)显示了当僧帽细胞和球旁细胞以及颗粒细胞没有任何突触联结时,僧帽细胞的光栅图以及局部场电位.由于输入到每一个僧帽细胞的刺激幅值不同,所以其表现出了不同步的放电.然而当在球旁细胞和僧帽细胞,颗粒细胞和僧帽细胞间引入一定范围的突触联结后,僧帽细胞表现出了一定的同步(图 2(d)),僧帽细胞的发放频率在数十赫兹左右.

为了明确的研究僧帽细胞对不同刺激信息的编码,可将整个仿真时期按照局部场电位的振荡分成 18 个连续的时间窗,在每一个时间窗中用  $-\pi \sim \pi$  来表示各峰值相对于场电位的相位差,其中场电位峰值所在点的相位定为 0.以所有细胞在所有时间窗中相对于场电位的相位差(绝对值)的平均值为参照,如果僧帽细胞的峰值和场电位的相位差(绝对值)小于这个平均值,则认为该僧帽细胞在该时间窗中和场电位同步,反之则不同步.随机选择 10 个僧帽细胞来研究细胞对不

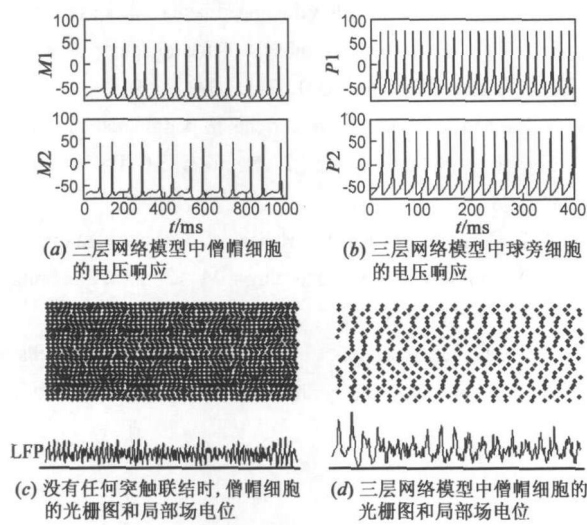


图2

同刺激的表示,其中黑色窗表示同步,白色窗表示不同步,如图3所示.图3(a)为刺激1作用下10个僧帽细胞的瞬时同步情况,而图3(b)则为刺激2作用下相同细胞的瞬时同步情况.从图中可以看出,相同的细胞,在不同刺激作用下,其瞬时同步是不一样的,如M3,在刺激1作用下,其在周期1,3,4,10,15和18同步,而在刺激2作用下,其同步的周期为1,2,3,7,8,16和17.

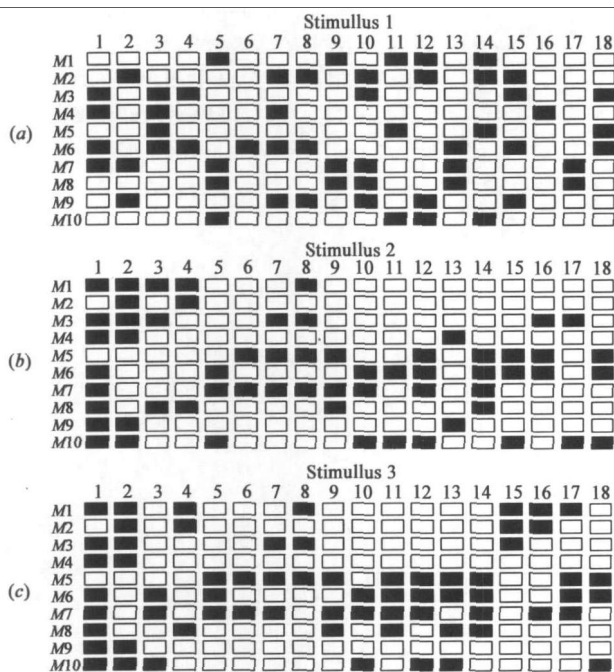


图3 僧帽细胞在不同刺激作用下的瞬时同步输出

为了研究网络对气味差异的敏感性,在刺激2的基础上,改变输入到僧帽细胞22,23的刺激,使得其刺激幅值由原来的1.21nA,1.41nA改变为1.41nA,1.21nA,并保持输入到其他细胞上的刺激幅值不变,将这个刺激作为刺激3并研究网络在其作用下的瞬时同步,如图3(c)所示.通过比较图3(b)和图3(c),发现网络能够识别这两种有细小差别的刺激气味,如M10在刺激2

作用下,在周期1,2,5,10,11,12,15,17和18中表现出了同步,而在刺激3作用下,其同步周期则为1,2,3,10,12,13和18.

#### 4 结论和讨论

本文详细介绍了哺乳动物嗅球电生理网络模型的建立方法,并在此基础上研究了嗅球对不同气味刺激信息的瞬时同步编码.首先,总结全文可以得出以下结论:(1)通过分析比较仿真计算得到的嗅球细胞的发放频率和发放波形与实际的嗅球细胞电生理实验是基本吻合的;(2)根据实际的嗅觉生理实验可知气味分子会引起嗅球僧帽细胞同步振荡峰电位的释放,嗅球中细胞的相互作用是形成局部场电位(LFP, Local Field Potential)的原因.在嗅小球模块内,对受体输入信息(空间编码的信息)的合并和整合是通过神经元间的同步实现的<sup>[12]</sup>,不同神经元群在不同时刻的同步化响应形成了对客观刺激气味(不同分子的组合)的时间编码,这种同步信号进一步传向嗅觉中枢.基于仿真计算的图2和图3的分析结果与上述的实验现象是基本一致的.其次,通过计算比较MC/GC和MC/GC/PG两种网络结构下的模型中MC细胞的发放率可以发现GC中间神经元对MC神经元的输出起到关键的调制作用,这与目前的研究结论是基本一致的,由于篇幅有限没有在此细述.

从模型的研究来看有三个方面的内容需要深入研究.首先,可引入同步化指数等定量分析方法从全面、整体和系统的角度探索嗅球中MC、GC和PG神经细胞在嗅觉信息编码中起到的不同作用,这也是本文提出并建立嗅球整体结构模型的一个重要原因和特色所在.其次,将着重于建立基于瞬时同步时空编码的气味模式识别方法,即如果一种气味信息可以被表达成几种基本的气味分子的线性组合,那么这几种基本的分子和配比的浓度如何在嗅球中通过瞬时同步时空编码的方式得以实现?通过调整网络拓扑结构和引入空间距离的算法,研究嗅球中不同细胞对气味识别的作用.例如,通过比较球旁细胞存在与否的情况下,研究模型对微小气味差异的识别能力和球旁细胞是否具对气味识别具有精细调节作用?最后,可以从信息熵的角度出发,研究动态刺激输入下不同神经网络的拓扑结构对输出响应传输刺激输入信息量的影响.利用模型仿真计算可得到大量样本数据和信息熵量化计算的优点,从信息量的角度量化探讨研究嗅球网络中各细胞对嗅觉信息编码的作用,并研究其解码过程以验证编码的正确性及其保持信息量方面的优势.

从实验验证的角度考虑,一种基于微电极阵列的嗅觉神经网络芯片的构造正在实现当中.借助于实际的测量数据,有助于离子和分子水平下嗅球电生理建

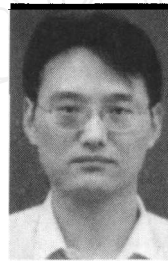
模的完善和发展.

#### 参考文献:

- [1] G Laurent. A systems perspective on early olfactory coding [J]. *Science*, 1999, 286(22): 723-728.
- [2] 杨如乃, 胡志忠, 等. 生物嗅觉神经系统模型的模拟与分析[J]. *生物医学工程研究*, 2006, 25(3): 131-136.  
Yang Ru-nai, Hu Zhi-zhong, et al. The simulation and analysis of biological olfactory neural model [J]. *Journal of Biomedical Engineering Research*, 2006, 25(3): 131-136. (in Chinese)
- [3] 陈淑凤. 嗅觉生理简介[J]. *生物学通报*, 1990, 4: 18-21.  
Chen Shu-feng. The introduction to olfaction mechanism [J]. *Bulletin of Biology*, 1990, 4: 18-21. (in Chinese)
- [4] S Lagier, A Carleton, P M Lledo. Interplay between local GABAergic interneurons and relay neurons generates oscillations in the rat olfactory bulb [J]. *J Neurosci*, 2004, 24(18): 4382-4392.
- [5] N E Schoppa, N N Urban. Dendritic processing within olfactory bulb circuits [J]. *Trends Neurosci*, 2003, 26(9): 501-506.
- [6] M Puopolo, O Belluzzi. Inhibitory synapses among interneurons in the glomerular layer of rat and frog olfactory bulbs [J]. *J Neurophysiol*, 1998, 80(1): 344-349.
- [7] 郑茜茜, 叶学松, 等. 嗅觉神经系统识别机理模型研究进展[J]. *生物医学工程学杂志*, 2008, 25(1): 200-203.  
Zheng Qian-qian, Ye Xue-song, et al. Research progress of the olfactory neural system recognition model [J]. *Journal of Biomedical Engineering*, 2008, 25(1): 200-203. (in Chinese)
- [8] M Migliore, G M Shepherd. Dendritic action potentials connect distributed dendrodendritic microcircuits [J]. *J Comput Neurosci*, 2008, 24(2): 207-221.

- [9] A P Davison, et al. A reduced compartmental model of the mitral cell for use in network models of the olfactory bulb [J]. *Brain Research Bulletin*, 2000, 51(5): 393-399.
- [10] R. Bardoni, et al. Potassium currents in periglomerular cells of frog olfactory bulb in vitro [J]. *Neurosci Lett*, 1996, 210(2): 95-98.
- [11] A Destexhe, et al. Kinetic Models of Synaptic Transmission in: *Methods in Neuronal Modeling* [M]. 2<sup>nd</sup> ed., Cambridge: MIT Press, 1998: 1-25.
- [12] N E Schoppa. Synchronization of olfactory bulb mitral cells by precisely timed inhibitory inputs [J]. *Neuron*, 2006, 49(2): 271-283.

#### 作者简介:



刘 峰 男, 1971 年出生, 2003 年于浙江大学获得博士学位, 浙江大学生物医学工程与仪器科学学院讲师. 主要研究方向为神经信号检测与处理, 神经网络计算以及分子动力学仿真计算.  
E-mail: Fengliu@mail.bme.zju.edu.cn



叶学松 男, 1970 年出生, 浙江大学生物医学工程与仪器科学学院教授, 博士生导师. 目前主要研究方向为神经信号检测, 神经网络计算和信息处理, 脑机接口, MEMS 传感器和集成电路设计. E-mail: yexs@mail.bme.zju.edu.cn