

# پیش‌بینی نتیجه درمان در بیماران دارای تومور مغزی با استفاده از تصاویر چند پارامتری تشدید مغناطیسی و شبکه عصبی

محمد نجفی<sup>۱</sup>، حمید سلطانیان‌زاده<sup>۲</sup> و تام میکلسن<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup> قطب علمی کنترل و پردازش هوشمند، دانشکده برق و کامپیوتر، دانشگاه تهران، تهران ۵۱۵-۱۴۳۹۵، ایران ، m.najafi@ut.ac.ir

<sup>۲</sup> قطب علمی کنترل و پردازش هوشمند، دانشکده برق و کامپیوتر، دانشگاه تهران، تهران ۵۱۵-۱۴۳۹۵، ایران ، hszadeh@ut.ac.ir

<sup>۲</sup> آزمایشگاه تحلیل تصاویر، بخش رادیولوژی، بیمارستان هنری فورد، دیترویت، میشیگان ۴۸۲۰۲، آمریکا ، hamids@rad.hfh.edu

<sup>۳</sup> بخش جراحی مغز و اعصاب، بیمارستان هنری فورد، دیترویت، میشیگان ۴۸۲۰۲، آمریکا ، nstom@neuro.hfh.edu

چکیده - یکی از بدخیم‌ترین انواع تومورهای مغزی، *Glioblastoma Multiform (GBM)* است که تا کنون درمان قطعی برای آن ارائه نشده است. در این مقاله روشی برای پیش‌بینی نتیجه‌ی درمان بواسی‌زوماب بر روی بیماران پیش از اعمال درمان ارائه شده است. ابتدا تصاویر چند پارامتری *MRI* در دو مرحله‌ی پیش از درمان و چند ماه پس از درمان از ۱۰ بیمار اخذ شد. سپس ویژگی‌های بر پایه‌ی هیستوگرام از پیکسل‌های مختلف موجود در ناحیه‌ی توموری استخراج شدند. به کمک شبکه عصبی، الگویی برای یافتن رابطه‌ی بهبودی پیکسل‌های این ناحیه با استفاده از ویژگی‌های استخراج شده به دست آمد. در نهایت پس از اعمال *Leave-one-out*، نتایج درمان برای بیماران مختلف به دست آمد که به طور میانگین بین همه‌ی بیماران، دقت پیش‌بینی درمان در حدود ۶۰ درصد به دست آمد. نتایج به دست آمده در مقایسه با نتایج دیگران، حاکی از توانایی روش ارائه شده است.

کلیدواژه- *Glioblastoma Multiform*، *MRI*، پیش‌بینی، شبکه‌ی عصبی، هیستوگرام

بیماران خواهد داشت یا خیر. در واقع این امکان وجود دارد که پس از طی یک دوره درمان چند ماهه، تأثیر خاصی روی بیماران مشاهده نشود. اما در صورتی که بتوان به نحوی نتیجه نهایی درمان مورد نظر را بر روی بیمار مربوطه پیش‌بینی کرد، مراحل درمان با اطمینان خاطر بیشتری طی می‌شود.

تاکنون مطالعات گوناگونی به این منظور صورت گرفته است که در زیر به تعدادی از آنها اشاره می‌شود. Swanson و دیگران [۴] مدلی ریاضی برای پیش‌بینی میزان رشد تومور مغزی *GBM* و میزان زنده ماندن بیماران دارای این عارضه ارائه کردند که بر پایه دو پارامتر بیولوژیکی تکثیر و نفوذ سلول‌های توموری است. Dube و دیگران [۵] با استفاده از پارامترهای به دست آمده از تصاویر ساختاری *MRI* مانند ویژگی‌های بر پایه شالوده (*texture*)، شکل (*shape*) و هیستوگرام (*histogram*) در بیماران مبتلا به *GBM*، میزان زنده ماندن آنها را به کمک تحلیل رگرسیون تخمین زدند. Mardor و دیگران [۶] از دو پارامتر *ADC* و *RD* مربوط به تصویربرداری دیفیوژن اخذ شده قبل از درمان استفاده کرده و نشان دادند که این پارامترها با

## ۱- مقدمه

امروزه تومورهای مغزی به عنوان یکی از خطرناک‌ترین بیماری‌های موجود شناخته می‌شوند. اگرچه تاکنون روش‌های گوناگونی برای بهبود شرایط زندگی بیماران تومور مغزی ارائه شده است، اما با این وجود هیچ درمان قطعی برای آن به دست نیامده است. تومورهای مغزی به انواع مختلفی تقسیم می‌شوند که می‌توان از *Glioblastoma Multiform (GBM)* به عنوان خطرناک‌ترین و بدخیم‌ترین آنها نام برد. در حال حاضر این نوع تومور در حدود ۲۳ درصد کل تومورهای مغزی را در برمی‌گیرد [۱]. تا به حال چندین درمان از قبیل جراحی، شیمی‌درمانی و پرتودرمانی برای این عارضه پیشنهاد شده‌اند، اما هیچ یک از آنها نتوانسته است خود را به عنوان یک روش مناسب و قطعی معرفی کند [۲-۳].

نقطه ضعف بسیاری از درمان‌های کنونی که پیشتر به آنها اشاره شد، این است که بسیار زمان‌بر بوده و در عین حال مشخص نیست که روش موردنظر اثر رضایت‌بخشی یر روی

میزان کاهش نسبی در حجم تومور همبستگی قابل قبولی دارند. Dzik-Juarsz و دیگران [۷] نشان دادند که بین پارامتر ADC و میزان کاهش در اندازه‌ی تومور پس از اعمال شیمی-درمانی و پرتودرمانی، رابطه‌ی معکوس وجود دارد.

در موارد ذکر شده، یک معیار کلی مانند کاهش نسبی حجم تومور و یا مدت احتمالی بقای بیماران، برای تأثیر درمان خاص و یا پیش‌بینی وضعیت بیمار در چند ماه بعد ارائه شده است. Morris و دیگران [۸] روشی بر مبنای شدت روشنایی تصاویر MRI و مشخصات شالوده و شکل، برای پیش‌بینی میزان رشد و گسترش سلول‌های توموری ارائه کردند که به کمک یک طبقه‌بندی کننده‌ی SVM نشان می‌داد که کدام‌یک از پیکسل‌های سالم اطراف ناحیه توموری به احتمال زیاد مبتلا به تومور می‌گردند. همچنین Lee و دیگران [۹] با استفاده از تصاویر ساختاری و اسپکتروسکوپی MRI اخذ شده قبل و بعد از درمان و ویژگی‌های به دست آمده از تصاویر قبل از درمان، به کمک طبقه‌بند کننده‌ی نزدیک‌ترین همسایه‌ها (kNN)، شکل ثانویه-ی ناحیه‌ی توموری را پیش‌بینی کردند.

همان‌طور که دیده می‌شود، در موارد بر پایه‌ی پیکسل بالا، تنها پیکسل‌هایی که در حالت اولیه، سالم بوده‌اند بررسی شده‌اند و هیچ کاری برای پیش‌بینی وضعیت پیکسل‌های توموری در چند ماه بعد از تصویربرداری به کمک تصاویر ساختاری صورت نگرفته است. مخصوصاً در حالتی که درمان خاصی بر روی بیماران اعمال می‌شود، خلأ این امر به خوبی احساس می‌شود. یکی از دلایلی که تاکنون چندان به این موضوع پرداخته نشده است، این است که نواحی توموری دارای ویژگی‌های متفاوت و بعضاً نامشخصی هستند که کار بر روی آنها را دشوار می‌کند [۹]. نویسندگان این مقاله در کار قبلی خود، امکان پیش‌بینی پاسخ کلی تومور (کاهش حجم نسبی) به کمک تحلیل رگرسیون را بررسی کردند [۱۰]. هدف از این مطالعه، پرداختن به این موضوع است که آیا امکان پیش‌بینی وضعیت نواحی توموری Gd-enhanced بعد از اعمال درمان بواستیزوماب (Bevacizumab) وجود دارد یا خیر. این کار با استفاده از تصاویر ساختاری MRI (T1-weighted, T1-post, T2-weighted, FLAIR) انجام می‌شود. در واقع هدف این است که به کمک ویژگی‌های استخراج شده از این نواحی، بتوان پیش‌بینی کرد که درمان اعمال شده، یک پیکسل توموری خاص را مداوم می‌کند و یا اینکه اثری بر روی آن نخواهد داشت.

امروزه شبکه‌های عصبی مصنوعی نقش بسیار گسترده‌ای در ابعاد مختلف علمی دارند. توانایی بسیار بالای این ابزارها در یافتن

الگوهای مختلف طبیعی و مصنوعی، آنها را به عناصر جایگزین-ناپذیری در علم و صنعت تبدیل کرده است. یکی از کاربردهای اساسی این ابزارها در علم پزشکی و مهندسی پزشکی است. در بسیاری از موارد، الگوهای پیچیده‌ای در بدن یافت می‌شوند که شناسایی آنها تنها به کمک شبکه‌های عصبی امکان‌پذیر است. در این مقاله هم از این ابزار قدرتمند برای شناسایی الگوی بهبودی پیکسل‌های توموری استفاده شده است.

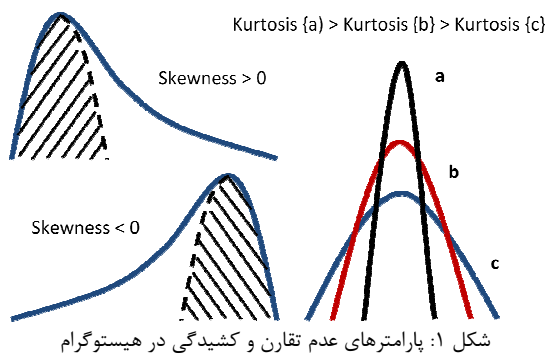
ادامه‌ی مقاله به شرح زیر است. در بخش ۲، داده‌های و روش مورد استفاده شرح داده می‌شوند. در بخش ۳، نتایج آزمایشات و تحلیل‌ها ارائه می‌گردند. بحث مربوط به نتایج و بررسی کارهای آینده نیز در بخش ۴ بیان می‌شوند.

## ۲- داده‌ها و روش

۱۰ بیمار (۸ مرد و ۲ زن) که دارای ناحیه‌ی Gd-enhanced در تومور مغزی خود بودند، به عنوان داده‌های اصلی برای این آزمایش انتخاب شدند. افراد در محدوده‌ی سنی ۳۶ تا ۶۶ سال با میانگین ۵۳ سال بودند. در طی دو مرحله تصاویر MRI در زمان‌های قبل از اعمال دارو و چند ماه بعد از آن از بیماران اخذ شد (بیمارستان هنری فورد، دیترویت، میشیگان، آمریکا). این تصاویر که تحت میدان مغناطیسی ۳ تسلا و به شکل ماتریس‌های تصویر (FOV=512x512) به دست آمدند، عبارتند از T1-weighted (TR=3000ms, TE=6ms, TI=1238ms), T1-post (TR=3000ms, TE=6ms, TI=1238ms), T2-weighted (TR=3000ms, TE=103ms), و Flair (TR=10000ms, TE=120ms, TI=2250ms). ضخامت اسلایس‌ها برابر با ۵ میلی‌متر بود. تصاویر تقریباً عاری از نویز بودند، بنابراین از مرحله‌ی حذف نویز صرف نظر شد.

تحلیل‌هایی که در آنها پیکسل‌های مختلف تصویر باید به طور جداگانه بررسی شوند، نیازمند این هستند که پیکسل مورد نظر در همه‌ی مراحل تنها به یک ناحیه از مغز اشاره کند. در نتیجه تصاویر مورد استفاده در چنین تحلیل‌هایی نیازمند عبور از یک فرآیند منطبق‌سازی هستند. این کار به کمک نرم‌افزار FSL-Flirt صورت گرفت. روش کار به این صورت بود که برای هر سوژه، تصویر T1-weighted به عنوان تصویر پایه در نظر گرفته شده و ۷ تصویر دیگر بیمار به این تصویر منطبق گردیدند. یکی از مشکلاتی که در این مرحله وجود داشت، ضخامت نسبتاً زیاد اسلایس‌ها بود که باعث شد عمل منطبق-

هیستوگرام استخراج شدند. این چهار ویژگی عبارتند از: میانگین (Mean)، انحراف معیار (Standard Deviation)، عدم تقارن (Skewness) و کشیدگی (Kurtosis). میانگین و انحراف معیار، همان گونه که از اسم آنها مشخص است، به ترتیب نشان‌دهنده‌ی مقدار میانگین و پراکندگی شدت روشنایی پیکسل‌های موجود در بلوک مورد نظر هستند. ویژگی عدم تقارن هم نمایانگر عدم تقارن در شکل هیستوگرام است. میزان تیز بودن قله‌ی هیستوگرام هم به کمک ویژگی کشیدگی مشخص می‌شود. دو ویژگی اخیر در شکل (۱) قابل مشاهده هستند. مجموع ۱۶ ویژگی از چهار تصویر برای ادامه‌ی کار انتخاب شدند. تمامی مراحل این کار و نوشتن کدهای مربوطه توسط نرم‌افزار MATLAB<sup>TM</sup> صورت گرفت.



شبکه عصبی مورد استفاده در این مقاله، از نوع feed forward back propagation انتخاب شد. ورودی‌های این شبکه عبارتند از ۱۶ ویژگی به دست آمده از قسمت قبل. این شبکه تنها یک خروجی دارد که نشان‌دهنده‌ی وضعیت پیکسل توموری، در زمان بعد از درمان است. در صورتی که پیکسل مورد نظر بهبود یافته باشد، این خروجی ۱ است، اما در غیر این صورت، مقدار ۰-۱ به آن نسبت داده می‌شود. علت انتخاب این مقادیر این است که فاصله‌ی بیشتری بین دو کلاس مختلف ایجاد شود و در هنگام تصمیم‌گیری برای تعیین کلاس خروجی، خطای کمتری تحمل شود. ویژگی‌های به دست آمده از تصاویر، قبل از وارد شدن به شبکه، بهنجار (Normalize) شدند. این کار با کم کردن مقدار میانگین و سپس تقسیم کردن بر انحراف معیار صورت گرفت. این کار باعث می‌شود که بعضی از ویژگی‌ها به علت کوچکی گستره نسبت به ویژگی‌های با گستره‌ی وسیع‌تر، در آموزش بی‌اثر نشوند. آموزش شبکه‌ی عصبی نیز توسط نرم‌افزار MATLAB انجام شد.

سازی برای یک سوژه با مشکل برخورد کند. بنابراین، با توجه به اهمیت بسیار زیاد منطبق‌سازی در این روش، امکان انجام ادامه‌ی آزمایش بر روی این سوژه فراهم نشد و ۹ سوژه‌ی باقیمانده برای ادامه‌ی مطالعه در نظر گرفته شدند.

مرحله‌ی پیش‌پردازشی حذف جمجمه نیز به کمک نرم‌افزار FSL-BET صورت گرفت. ابتدا برای هر بیمار، خود مغز (ناحیه‌ی عاری از جمجمه) در تصاویر T2-weighted به وسیله‌ی این نرم‌افزار استخراج شد. سپس با استفاده از تصویر به دست آمده از این مرحله، ماسکی ساخته شد که بر روی تصاویر دیگر اعمال شده و حذف جمجمه برای آنها نیز صورت گیرد.

یکی از مشکلاتی که در تصاویر MRI وجود دارد، گستره‌ی وسیع شدت روشنایی‌های مختلف در این تصاویر است که باعث می‌شود امکان مقایسه‌ی مستقیم آنها حتی برای تصاویر متوالی اخذ شده از یک سوژه، امکان‌پذیر نباشد. در نتیجه در تحلیل‌هایی که در آنها، شدت روشنایی‌های تصاویر به طور مستقیم استفاده می‌شوند، استاندارد نمودن مورد نیاز است. در اینجا، این کار به کمک روش ارائه شده در [۱۱] صورت گرفت که در آن از هیستوگرام‌های تصاویر برای مشابه کردن گستره‌ی شدت روشنایی‌ها استفاده شده است. در واقع این عملیات با مشخص کردن نقاط مشخصی از هیستوگرام (Landmark) و منطبق کردن آنها بر یکدیگر پیاده‌سازی شده است.

در ادامه در هر سوژه، اسلایس اصلی که بیشترین گستردگی تومور در آن مشاهده می‌شود، برای تحلیل انتخاب شد. سپس ناحیه‌ی توموری به کمک تصویر T1-post با استفاده از نرم‌افزار MRICRO به طور دستی استخراج شد. این کار برای تصاویر قبل و بعد از درمان صورت گرفت. علت اینکه روش اتوماتیکی به این منظور پیاده‌سازی نشد این بود که تاکنون روشی که بتواند به دقت روش دستی، ناحیه‌ی توموری را بخش‌بندی کند، ارائه نشده است.

این مراحل برای تمامی سوژه‌ها انجام شد و در نهایت، تعداد ۲۳۷۸۵ پیکسل از مجموع ۹ سوژه برای انجام تحلیل به دست آمد.

در این مقاله از ویژگی‌های بر پایه‌ی هیستوگرام استفاده شده است. روش کار به این صورت بود که برای هر یک از ۴ تصویر موجود از هر سوژه و به مرکز هریک از پیکسل‌های موجود در ناحیه‌ی Gd-enhanced تومور که در قسمت قبل مشخص شدند، یک بلوک به شعاع ۱۲ پیکسل در نظر گرفته شد و هیستوگرام این بلوک به دست آمد. دلیل انتخاب شعاع ۱۲ در قسمت بعد آورده شده است. سپس ۴ ویژگی آماری اصلی از هر

جدول ۱: نتایج اولیه به دست آمده برای یافتن بهترین مشخصات برای

شبکه عصبی و ویژگی‌ها

نوع داده	تعداد داده	همبستگی ورودی و خروجی
آموزشی	۱۶۶۴۹	۰/۷۶۷
معتبرسازی	۳۵۶۸	۰/۷۲۹
تست	۳۵۶۸	۰/۷۴۹

### ۳- نتایج

در ابتدا کل داده‌ها به ۳ دسته‌ی آموزشی، معتبرسازی و تست با نسبت‌های به ترتیب ۷۰٪، ۱۵٪ و ۱۵٪ تقسیم شدند. عملیات آموزش و معتبرسازی شبکه‌ی عصبی برای تعداد مختلف نورون و تعداد لایه‌های مختلف و همچنین شعاع‌های مختلف برای بلوک‌های استخراج ویژگی صورت گرفت که بهترین جواب با کمترین خطا برای حالتی که شعاع بلوک برابر با ۱۲ بود و ۲۰ نورون در یک لایه‌ی پنهان قرار داشت، به دست آمد. نتایج مربوط به این بخش و نتیجه‌ی نهایی بر روی داده‌های باقیمانده به عنوان تست، در جدول (۱) آمده است.

در ادامه برای انجام مرحله‌ی اصلی آزمایش از روش Leave-one-out cross validation استفاده شد که بر اساس آن، از بین کل داده‌های مربوط به ۹ سوژه (۲۳۷۸۵ عدد)، داده‌های مربوط به یک فرد کنار گذاشته شد و شبکه‌ی عصبی به دست آمده، به کمک داده‌های باقی‌مانده آموزش داده شد. سپس شبکه‌ی عصبی مورد نظر با وزن‌های به دست آمده بر روی پیکسل‌های سوژه‌ی تست اعمال شد و نتایج پیش‌بینی وضعیت آینده‌ی هر پیکسل توموری با تصمیم‌گیری بر روی خروجی شبکه به دست آمد. کلیه‌ی این مراحل برای هر یک از ۹ سوژه انجام شد. نتایج به دست آمده در جدول (۲) مشاهده می‌شوند. نتیجه‌ی کلی که از میانگین‌گیری بر روی تمامی نتایج leave-one-out به دست آمد، دقتی برابر با ۶۰/۱٪ است. منظور از دقت در اینجا، نسبت تعداد پیکسل‌های درست پیش‌بینی شده به تعداد کل پیکسل‌های توموری اولیه است.

برای مثال، شکل (۲)، نقشه‌های مکانی پیکسل‌های توموری را برای سوژه‌ی شماره‌ی ۲ نمایش می‌دهد. در این شکل‌ها، نواحی توموری در زمان‌های قبل از درمان و بعد از درمان که به طور دستی مشخص شده‌اند و همچنین ناحیه‌ی بعد از درمان که از روش این مقاله به دست آمده است، قابل مشاهده هستند.

جدول ۲: نتایج نهایی به دست آمده برای هر یک از سوژه‌ها.

بیمار	دقت (نسبت تعداد پیکسل‌های درست پیش‌بینی شده به تعداد کل پیکسل‌های توموری اولیه، به درصد)
۱	۹۵/۵
۲	۸۷/۵
۳	۸۷/۱
۴	۷۵
۵	۶۰
۶	۵۰
۷	۴۹
۸	۴۶/۳
۹	۳۳/۱
میانگین	۶۰/۱

### ۴- نتیجه‌گیری

در این مطالعه، بیماران تومور مغزی GBM دارای ناحیه‌ی Gd-enhanced برای بررسی امکان پیش‌بینی نقشه‌ی مکانی ناحیه‌ی توموری در زمان چند ماه پس از درمان با داروی بواسیزوماب، تحت آزمایش قرار گرفتند. تا به حال بیشتر مطالعات صورت گرفته بر روی پیکسل‌ها، برای حالاتی بوده است که در آنها پیکسل‌ها در حالت اولیه سالم بوده‌اند و امکان توموری شدن آنها پیش‌بینی شده است. در این مقاله سعی بر این بود که با استفاده از توانایی بالای شبکه‌ی عصبی، وضعیت آینده‌ی پیکسل‌های توموری، پیش از اعمال درمان به بیمار پیش‌بینی شود.

ویژگی‌های به دست آمده، نسبتاً همبستگی چندانی با یکدیگر نداشتند. برای مثال بیشترین همبستگی بین ویژگی‌ها، بین کشیدگی و عدم تقارن تصویر T1-weighted دیده شد که برابر با ۰/۷۳ بود. با توجه به این نتیجه، می‌توان گفت تقریباً تمامی ویژگی‌ها اثر قابل توجهی در پاسخ‌دهی الگوریتم داشته‌اند. Morris و دیگران [۸] به کمک SVM و در ۳ حالت مختلف به ترتیب با استفاده از ۷۵، ۴۷ و ۲۸ ویژگی، امکان توموری شدن پیکسل‌های سالم را بررسی کردند که در مجموع و با میانگین‌گیری از تمامی سوژه‌ها در بهترین حالت، دقتی برابر با ۵۹.۸٪ به دست آوردند. این نشان‌دهنده‌ی توانایی بالای الگوریتم ارائه شده در این مقاله است که با وجود اینکه بر روی پیکسل‌های توموری که ویژگی‌های پیچیده‌تری نسبت به پیکسل‌های

## سیاسگزاری

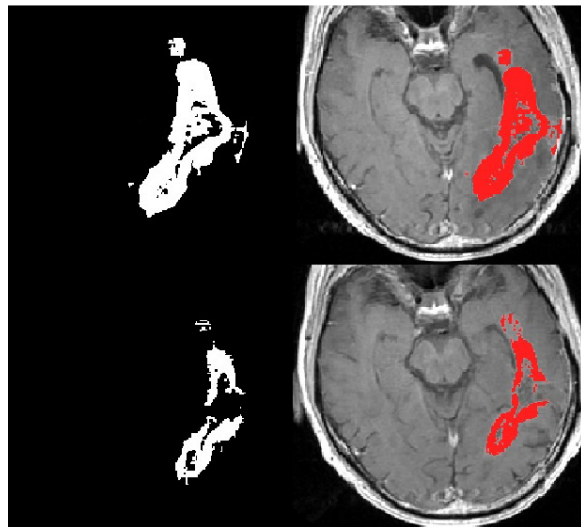
به این وسیله، نویسندگان از بیمارستان هنری فورد به خاطر مهیا نمودن داده‌های مورد استفاده در آزمایش، قدردانی می‌نمایند.

## مراجع

- [1] Glioblastoma Multiform (GBM): <http://www.braintumor.org/Glioblastoma/>, retrieved on July 3<sup>rd</sup>, 2009.
- [2] C. Nieder, M.P. Mehta, R. Jalali, Combined Radio- and Chemotherapy of Brain Tumours in Adult Patients, Clin Oncol (2009), doi:10.1016/j.clon.2009.5.003. (Article in Press).
- [3] S. Mueller, S. Chang, "Pediatric Brain Tumors: Current Treatment Strategies and Future Therapeutic Approaches," *Journal of Neurotherapeutics*, vol. 6 (3), pp. 570-586, 2009.
- [4] A mathematical modelling tool for predicting survival of individual patients following resection of glioblastoma: a proof of principle," *British Journal of Cancer*, vol. 98, pp. 113-119, 2008.
- [5] S. Dube, T. Cloughesy, J. Sayre, U. Sinha, "multivariate linear modeling of quantitative MR features for prognosis in patients with Glioblastoma Multiform," in Proc. 15<sup>th</sup> Intl. Soc. Mag. Reson. Med., 2007.
- [6] Y. Mardor, Y. Roth, A. Ocherashvilli, R. Spiegelmann, T. Tichler, D. Daniels, S.E. Maier, O. Nissim, Z. Ram, J. Baram, A. Orenstein, R. Pfeffer, "Pretreatment Prediction of Brain Tumors Response to Radiation Therapy Using High b-Value Diffusion-Weighted MRI," *Journal of Neoplasia*, vol. 6, no. 2, pp. 136-142, 2004.
- [7] A. Dzik-Juarez, C. Domenig, M. George, J. Wolber, A. Padhani, G. Brown, S. Doran, "Diffusion MRI for prediction of response of rectal cancer to chemoradiation," *THE LANCET*, vol. 360, pp. 307-308, July 2002.
- [8] M. Morris, R. Greiner, J. Sander, A. Murtha, M. Schmidt, "Learning a Classification-based Glioma Growth Model Using MRI Data," *Journal of Computers*, vol. 1, no. 7, pp. 21-31, Nov. 2006.
- [9] M. C. Lee, S. J. Nelson, "Supervised pattern recognition for the prediction of contrast-enhancement appearance in brain tumors from multivariate magnetic resonance imaging and spectroscopy," *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 43, pp. 61-74, 2008.
- [10] محمد نجفی، حمید سلطانیان زاده، تام میکلسن، "پیش‌بینی نتیجه درمان بیماری بواسیزوماب در بیماران دارای تومور مغزی با استفاده از تصاویر چند پارامتری تشدید مغناطیسی"، شانزدهمین کنفرانس مهندسی پزشکی ایران، زمستان ۸۸.
- [11] L. G. Nyul, K. J. Udupa, X. Zhang, "New Variants of a Method of MRI Scale Standardization," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 19, no. 2, Feb. 2000.

سالم دارند، عمل می‌کند و نیز از تعداد ویژگی بسیار کمتری بهره می‌گیرد، اما دارای قدرت برابر و حتی بالاتری در پیش‌بینی است.

اشکالی که می‌توان به این کار وارد دانست، تعداد نسبتاً اندک سوژه‌های تحت آزمایش است که ممکن است توانایی تعمیم نتایج را برای سوژه‌های جدید، زیر سوال ببرد. برای مثال تعداد بیمار تحت آزمایش در [۸] ۱۷ عدد بود که تقریباً ۲ برابر تعداد سوژه‌های تحت بررسی در این مقاله است. همچنین در این مطالعه تاکنون تنها از ویژگی‌های دوبعدی استفاده شده و اسلایس‌های توموری تنها در دو بعد بررسی شده‌اند در حالی که بررسی ۳ بعدی سوژه‌ها، می‌تواند ما را به نتایج کامل‌تری برساند. همچنین تعداد نورون موجود در لایه‌ی پنهان شبکه عصبی ممکن است نسبتاً زیاد به نظر برسد، اما همان‌طور که قبل‌تر هم اشاره شد، تغییرات بافت‌های توموری دارای ماهیت پیچیده‌ای است. در نتیجه، قرار دادن این تعداد نورون برای یافتن الگوی بهبودی در پیکسل‌های این ناحیه تا حدی قابل توجیه می‌گردد. در آینده، قصد بر این است که با جمع‌آوری داده‌های بیشتر و همچنین استفاده از ویژگی‌های دیگری مانند شکل و روی آوردن به ویژگی‌های ۳ بعدی نتایج کامل‌تری ارائه شود



شکل ۲: نقشه‌ی مکانی ناحیه‌ی Gd-enhanced در حالت اولیه (بالا) و ثانویه (پایین) مربوط به سوژه شماره ۲.

بالا و پایین، راست: نقشه‌های مکانی دستی کشیده شده توسط MRICRO  
بالا چپ: نقشه‌ی باینری معادل با شکل بالا راست  
پایین چپ: نقشه‌ی باینری به دست آمده توسط الگوریتم متناظر با نقشه‌ی  
پایین سمت راست