

مقایسه انواع مختلف داده‌های تصویربرداری عصبی در پیش‌بینی سن مغز

حامی مهدوی نتاج^۱ (Ph.D Candidate)، سید امیرحسین بتولی^۱ (Ph.D)

۱- گروه علوم اعصاب و مطالعات اعتیاد، دانشکده فناوری‌های نوین پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی تهران، تهران، ایران

حامی مهدوی نتاج: mahdavinataj.hami@gmail.com

چکیده

هدف: سن بیولوژیکی می‌تواند تحت تأثیر عوامل مختلف محیطی و ژنتیکی قرار گیرد. در طی پیری، مغز انسان دست‌خوش تغییرات ساختاری و عملکردی می‌شود که می‌توان از آن برای پیش‌بینی سن بیولوژیکی استفاده کرد. از سوی دیگر، پیش‌بینی سن مغز با استفاده از داده‌های تصویربرداری عصبی معمولاً از طریق روش‌های مختلف انجام می‌شود. تفاوت بین سن تقویمی و سن بیولوژیکی پیش‌بینی شده، می‌تواند به‌عنوان نشان‌گر زیستی مورد استفاده قرار گیرد. در این مطالعه، تصویربرداری تشدید مغناطیسی (MRI) با وزن T1 و MRI عملکردی (fMRI) در حالت استراحت به‌عنوان داده‌های ورودی برای مدل پیش‌بینی سن مغز استفاده شد.

مواد و روش‌ها: برای پیش‌بینی سن مغز از تصاویر گرفته شده از MRI با وزن T1 و fMRI در حالت استراحت از ۲۸۹ فرد سالم از پایگاه داده تصویربرداری مغز ایران (IBID) استفاده شد. نرم‌افزار FreeSurfer برای اندازه‌گیری حجم نواحی مختلف مغز با استفاده از تصاویر MRI با وزن T1 به‌کار گرفته شد. ماتریس اتصال عملکردی (FC) هر آزمودنی با استفاده از جعبه ابزار CONN محاسبه شد. از تجزیه و تحلیل مؤلفه اصلی (PCA) برای کاهش ابعاد ویژگی‌ها استفاده گردید و آموزش و اعتبارسنجی مدل رگرسیون ridge با استفاده از داده‌های پردازش شده انجام گرفت.

یافته‌ها: عملکرد مدل با استفاده از میانگین خطای مطلق (MAE) بین سن تقویمی و بیولوژیکی ارزیابی شد. علاوه بر این، ۹۷ مؤلفه اصلی برای هر بردار ویژگی استخراج شد. مدل رگرسیون ridge سن بیولوژیکی را از حجم مناطق مغز با MAE برابر با ۸/۴ سال و از ماتریس‌های FC با MAE برابر با ۸/۷ سال پیش‌بینی کرد.

نتیجه‌گیری: مطالعه ما نشان داد که عملکرد مدل با استفاده از داده‌های حجمی بهتر از ماتریس‌های FC بوده و برای تخمین سن بیولوژیکی کاربرد بهتری دارد.

واژه‌های کلیدی: پیش‌بینی سن مغز، fMRI، MRI با وزن T1، ماتریس اتصالات عملکردی



Comparing Different Modalities of Neuroimaging Data in Brain Age Prediction

Hami Mahdavinataj¹ (Ph.D Candidate), Seyed Amir Hossein Batouli¹ (Ph.D)

1- Department of Neuroscience and Addiction Studies, School of Advanced Technologies in Medicine, Tehran University of Medical Sciences, Tehran, Iran

Hami Mahdavinataj: mahdavinataj.hami@gmail.com

Introduction: Biological age can be influenced by various different environmental and genetic factors. During aging, the human brain undergoes structural and functional changes, which can be used to predict biological age. On the other hand, brain age prediction utilizing neuroimaging data is commonly performed through different modalities. The difference between chronological and predicted biological age can be used as a biomarker. In this study, T1-weighted magnetic resonance imaging (MRI) and resting-state functional MRI (fMRI) were used as input data for a brain age prediction model.

Methods and Materials: Images taken from T1-weighted images and resting-state fMRI of 289 healthy subjects from the Iranian Brain Imaging Database (IBID) were used to predict brain age. FreeSurfer software was used to measure the volumes of different brain regions from T1-weighted images. The functional connectivity (FC) matrix of each subject was calculated using CONN toolbox. Principal component analysis (PCA) was used to reduce the features' dimension, and a ridge regression model was trained and validated on the processed data .

Results: Model performance was assessed using mean absolute error (MAE) between chronological and biological age. Moreover, 97 principal components were extracted for each feature vector. The ridge regression model predicted biological age from volumes of brain regions with an MAE of 8.4 years and from FC matrices with an MAE of 8.7 years.

Conclusions: Our study demonstrated that the model performance using volumetry data was better than FC matrices for biological brain age prediction.

Keywords: Brain Age Prediction, fMRI, T1-weighted MRI, Functional Connectivity Matrix

