

## پیش‌بینی سن مغز مبتنی بر تصاویر fMRI با استفاده از شبکه‌های عصبی گرافی و الگوریتم ژنتیک

نسترن حسن زاده و محمد صنیعی آباده

### چکیده

پیش‌بینی سن مغز با استفاده از تصاویر fMRI و شبکه عصبی گرافیکی از رویکردهای پیشرفته در زمینه تحلیل داده‌های تصویربرداری عصبی است. در این روش، ابتدا از تصاویر fMRI برای استخراج ماتریس ارتباطات کارکردی و ساخت گراف مغزی استفاده می‌شود. سپس با بهره‌گیری از شبکه عصبی گرافی GCN-SE، ویژگی‌های مربوط به شبکه‌های مختلف مغز و ارتباطات بین آنها استخراج و برای پیش‌بینی سن استفاده می‌گردد. پس از انجام پیش‌بینی اولیه، برای بهبود دقت پیش‌بینی، از تکنیک اصلاح بایاس سن مغز استفاده می‌شود. این مرحله کمک می‌کند تا سوگیری‌ها در پیش‌بینی‌های سن مغزی تصحیح شده و دقت مدل افزایش یابد. در نهایت، برای شناسایی مهم‌ترین شبکه‌های مغز، از الگوریتم ژنتیک استفاده می‌گردد. این الگوریتم با جستجوی هوشمند در فضای ممکن، بهینه‌ترین زیرمجموعه از شبکه‌هایی که بیشترین تأثیر را بر پیش‌بینی سن دارند، پیدا می‌کند. نتایج این مقاله با میانگین خطای مطلق ۰/۰۳ و ۱/۲۶۱ بر حسب سال به ترتیب برای تصاویر مغزی مربوط به مردان و زنان نشان داد که این رویکرد قادر به ارائه پیش‌بینی‌های دقیق‌تر و شناسایی شبکه‌های کلیدی مغز در فرآیند پیری است.

### کلید واژه‌ها

پیش‌بینی سن مغز، تصاویر fMRI، شبکه عصبی گرافی، الگوریتم ژنتیک

### ۱. مقدمه

محاسبه سن مغزی یک مسئله مهم در حوزه سلامت مغز است. سن مغزی به عنوان معیاری شناخته می‌شود که از داده‌های تصویربرداری عصبی استخراج شده و نقش مهمی در بهبود درک و مدیریت فرآیند پیری دارد. این معیار به پژوهشگران امکان می‌دهد

این مقاله در تیرماه ۱۴۰۳ دریافت شد؛ در آبان‌ماه بازنگری و در آذرماه پذیرفته گردید.

<sup>۱</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد مهندسی کامپیوتر (نرم افزار)، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران  
رایانامه: [nastaran.hasanzadeh@modares.ac.ir](mailto:nastaran.hasanzadeh@modares.ac.ir)

<sup>۲</sup> گروه مهندسی کامپیوتر (هوش مصنوعی)، دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران  
رایانامه: [saniee@modares.ac.ir](mailto:saniee@modares.ac.ir)

نویسنده مسئول: محمد صنیعی آباده

تا تغییرات مغز در طول زمان را بهتر بشناسند و راه حل‌های مؤثرتری برای مدیریت روند پیری ارائه دهند [۱-۴]. با مقایسه سن مغز با سن تقویمی، می‌توان امکان شناسایی افرادی را فراهم کرد که سریع‌تر از حد معمول پیر می‌شوند، این موضوع می‌تواند نشانه‌ی خطر بالاتر در ابتلا به بیماری و افزایش مرگ و میر باشد. این اطلاعات به دست آمده می‌توانند باعث شروع زودتر اقدامات پیشگیرانه شوند تا در نهایت به طور مؤثر بتوانند روند پیری را کاهش دهند و اثرات منفی آن را کم کنند. علاوه بر این، سن مغز می‌تواند به عنوان ابزاری مؤثر برای پیگیری پیشرفت بیماری‌های مغزی و بررسی تأثیر درمان‌ها استفاده شود و به این ترتیب، مراقبت‌های بهداشتی مخصوص هر شخص را هموار تر می‌کند [۵] و [۶]؛ علاوه بر این، می‌توان از سن مغزی برای تشخیص بسیاری از اختلالات روانی و عصبی همانند آلزایمر، پارکینسون،

کارکردی مغز<sup>۴</sup> است که در آن محققان از fMRI برای اندازه‌گیری فعالیت مغز در حین کار و استراحت استفاده می‌کنند، و همبستگی‌های زمانی بین نواحی مغز را تجزیه و تحلیل می‌کنند [۱۶].

با رشد در دسترس بودن داده‌ها و پیشرفت‌های روش شناختی، یادگیری ماشین اثربخشی قابل توجهی را در وظایفی مانند رمزگشایی فرآیندهای شناختی و تشخیص اختلالات سلامت روان نشان داده است [۱۷]. روش‌های زیادی از یادگیری ماشین برای پیش‌بینی سن مغزی به کار رفته است روش‌های پارامتریک خطی و یادگیری جمعی تا مدل‌های شبکه عصبی و شبکه‌های عصبی گرافی، از بین آنها تعداد کمی از شبکه‌های عصبی گرافی برای پیش‌بینی سن مغز استفاده کردند و بیشتر با روش‌های سنتی یادگیری ماشین برای این مسئله پیش‌رفته‌اند. از روش‌های غیرپارامتری غیر خطی به کار رفته شده، ماشین بردار پشتیبان و یادگیری جمعی، یک مدل مجموعه درختی رگرسیون با ترکیبی از MRI و fMRI استفاده شد [۱۸]. ارزیابی بر روی داده تصاویر افراد مبتلا به بیماری اسکیزوفرنی در پژوهش کنستانینیدس و همکاران [۱۹] انجام شد که در آن از روش رگرسیون ریج بر روی داده‌های MRI به تفکیک جنسیت آموزش داده شد.

گفتنی است که پژوهش‌های جدید تر بر روی داده‌های fMRI صورت گرفته است مانند مطالعه چنگ و همکاران [۲۰] که سال ۲۰۲۴ ارائه شده بر روی بازه سنی بالا یعنی از ۱۸ تا ۷۸ سال صورت گرفته است که از روش یادگیری غیر گرافی یعنی روش خطی لاسو برای پیش‌بینی استفاده شده، با این حال به دقت میانگین خطای مطلق ۱۲/۳۲ بر روی کل داده‌ها به دست یافته است، که نسبت به بازه سنی، این مقدار چندان خوبی نیست.

لیم و همکاران رگرسیون بردار پشتیبان را با جنگل‌های تصادفی از طریق یک روش یادگیری گروهی برای بهبود عملکرد پیش‌بینی سن ترکیب کرد ولی توسعه‌های پویای مغزی و بازه سنی زیاد را در نظر نمی‌گیرد [۲۱]. در این بین، روش‌های خطی در [۲۲] و [۲۳] توانسته دقت‌های خوبی نسبت به روش‌های یادگیری جمعی و یادگیری غیر خطی در پیش‌بینی سن مغز از خود نشان داده‌اند.

پژوهش [۲۲] بسیاری از روش‌های یادگیری ماشین برای پیش‌بینی سن مغز با داده MRI از مجموعه داده‌ی معروف HCP<sup>۱</sup> به کار برده شده است؛ از الگوریتم‌های پارامتریک خطی و غیر خطی

اسکیزوفرنی، افسردگی شدید، اختلال دوقطبی، مولتیپل اسکلروزیس؛ آسیب تروماتیک مغزی و غیره بهره‌گرفت [۴]، [۷] و [۸].

تفاوت سن فرد و سن مغزی فاصله سنی مغز گفته می‌شود. فاصله سنی مغز، تفاوت بین سن پیش‌بینی شده مغز و سن تقویمی، سلامت مغز و ناهنجاری‌های عصبی آناتومیکی<sup>۲</sup> را اندازه‌گیری می‌کند. اگر این مقدار تفاوت مثبت باشد نشان دهنده پیری تسریع شده و اگر این مقدار منفی باشد نشان از پیری تاخیری است [۹] تا [۱۱]. محققان با ترکیب روش‌های مختلف تصویربرداری مغزی و تمرکز بر نواحی خاصی از مغز، به دنبال یافتن بینش‌های جدیدی درباره فرآیند پیری هستند [۱۲].

یکی از روش‌های تحقیق درباره‌ی فرآیند پیری، استفاده از مدل‌هایی برای پیش‌بینی سن مغز است. پیش‌بینی سن مغز شامل ایجاد مدل‌های یادگیری ماشینی برای تجزیه و تحلیل تغییرات ساختاری مغز مرتبط با سن در افراد سالم است، سپس از این مدل‌ها برای پیش‌بینی سن مغز در افراد جدید استفاده می‌شود. اما دقت پیش‌بینی مدل و قابل درک بودن نتیجه به دست آمده برای متخصصان علوم اعصاب یک چالش و مسئله‌ی مهم است، با از نواحی خاصی از مغز که بیشترین تأثیر را در پیش‌بینی سن دارند، متخصصان می‌توانند تحقیقات بیشتری روی این نواحی انجام دهند و به مکانیزم‌های زیربنایی آنها پی ببرند.

## ۲. پیشینه پژوهش

در مسائل پیش‌بینی سن مغز، متداول‌ترین روش تصویر برداری مغزی استفاده از تصویربرداری تشدید مغناطیسی (MRI) است [۱۳] ولی اخیراً از تصویرسازی تشدید مغناطیسی عملکردی<sup>۵</sup> (fMRI) برای مطالعه عملکردهای مغز به خصوص تشخیص زودهنگام استفاده شده است. fMRI یکی از پیشرفته‌ترین و شفاف‌ترین تکنیک‌های تصویربرداری کارکردی و از تکنیک‌های غیر تهاجمی است که تاکنون توسعه یافته است [۱۴]. از بین ابزارهای تصویر برداری مغز، در تحقیقات اخیر برای پیش‌بینی سن مغزی هم از fMRI استفاده شده است زیرا توانایی آن در آشکار کردن تغییرات در میزان ارتباطات مغزی<sup>۶</sup> دارد که مرتبط با افزایش سن است به دلیل اینکه راهی برای اندازه‌گیری فعالیت و ارتباطات درون مغز ارائه می‌کند، که با افزایش سن تغییر می‌کند [۱۵]. پیشرفت‌های اخیر شامل روش‌های تحلیل شبکه‌های

<sup>۱</sup>Brain Functional Networks

<sup>۲</sup>Ensemble Learning

<sup>۳</sup>Graph Neural Network (GNN)

Support Vector Machine (SVM)

Ridge Regression

<sup>۴</sup>Least Absolute Shrinkage and Selection Operator (Lasso)

<sup>۵</sup>Support Vector Regression (SVR)

<sup>۶</sup>Human Connectome Project (HCP)

Multiple Sclerosis

<sup>۷</sup>Brain Age Gap (BAG)

Neuroanatomical

Magnetic Resonance Imaging

Functional Magnetic Resonance Imaging

Brain Connectivity

ویژگی‌ها با مازول خودتوجه با بلوک فشار و برانگیختگی<sup>۱</sup> عملکرد بهتری از سایر مدل‌ها رسید. با این حال، یکی از چالش‌های این روش نیاز به حافظه بالایی برای پردازش ورودی‌های شبه‌بعدی بود که استفاده از آن را برای تصاویر fMRI دشوار می‌کرد.

از طرفی دیگر، روش‌های سنتی معمولاً برای داده‌های غیر گرافی مناسب هستند و داده‌های گرافی با شبکه‌های عصبی گرافی نتیجه بهتری می‌توان کسب کرد [۳۳] تا [۳۵]. برای مثال، مطالعاتی که از شبکه‌های عصبی گرافی (GCN) برای پیش‌بینی بیماری اوتیسم استفاده کردند و نشان دادند مدل با ساختار گرافی می‌تواند با استفاده از ویژگی‌های پیچیده شبکه‌های مغزی، نسبت به روش‌های سنتی دقت بهتری ارائه دهد [۳۶] تا [۳۸]. همچنین، در پژوهش دیگری [۳۹] که از شبکه‌های عصبی مکرر استفاده کرده بود این رویکرد گرافی در پیش‌بینی سن و جنسیت افراد نیز عملکرد بهتری نسبت به روش‌های غیرگرافی نشان داده است و توانسته اطلاعات تعاملی بیشتری را از داده‌ها استخراج کند.

شایان توجه است که مغز یک شبکه پیچیده با ارتباطات گسترده میان نواحی مختلف است و استفاده از نظریه‌ی گراف نقش مهمی در فهم بهتر این سیستم پیچیده ایفا می‌کند، به‌طور ویژه برای مغز. شبکه‌های مغز یا گراف‌های مغزی از ماتریس‌های ارتباطات عصبی ساخته می‌شوند؛ هر ناحیه‌ی مغز به عنوان یک گره و ارتباطات بین آنها به عنوان لبه نشان داده می‌شود [۴۰] تا [۴۴] و [۱۸]. با تبدیل داده‌ها به شکل گرافی می‌توان شبکه‌های عصبی گرافی را ایجاد کرد، این مدل‌ها به‌طور خاص برای پردازش داده‌های دارای ساختار گرافی طراحی شده‌اند و می‌تواند وابستگی‌های فضایی و ساختاری بین نواحی مختلف مغز را مدل‌سازی کنند و ویژگی‌های پیچیده و پرابعد را مستقیماً از ساختار گراف استخراج کنند که می‌تواند به کشف نشانگرهای زیستی جدیدی منجر شود [۴۰]، [۴۳] و [۴۴]. همچنین این مدل‌ها در برابر نویز داده‌ها مقاوم‌تر هستند، زیرا با ترکیب اطلاعات گره‌های همسایه، تأثیر داده‌های نویزی یا ناقص را کاهش می‌دهند [۴۵] و [۴۶]، همچنین می‌تواند ویژگی‌های توپولوژیکی مهم شبکه‌های مغز را در نظر بگیرد که در نتیجه، می‌تواند قابل تفسیر باشد [۳۸].

همان‌طور که اشاره شد، تحقیقات زیادی روی پیش‌بینی سن با استفاده از fMRI انجام شده است، اما روش‌های غیرگرافی نمی‌توانند اطلاعات درباره ساختار و ارتباطات بین نواحی مختلف مغز را ثبت کنند. در مقابل، مدل‌های شبکه عصبی گرافی قابلیت شناسایی و ثبت الگوهای پیچیده ارتباطی بین بخش‌های مختلف مغز را دارند که این امر برای درک عملکرد مغز و پیش‌بینی سن آن بسیار ارزشمند است. با این حال، مدل‌های سنتی اغلب روابط

مانند رگرسیون خطی، رگرسیون لاسو،... و رگرسیون پرسپترون چند لایه؛ تا الگوریتم‌های ناپارامتریک خطی و غیر خطی مانند رگرسیون برداری مرتبط، رگرسیون بردار پشتیبان، رگرسیون فرآیندهای گاوسی، رگرسیون ریج هسته و  $\ell_1$  نزدیکترین همسایگان استفاده شد. در کنار آنها مدل‌های یادگیری جمعی نیز برای ارزیابی به آنها اضافه شده است، این مدل‌ها عبارتند از درخت تصمیم، جنگل تصادفی، تقویت تطبیقی (آدا بوست)، که در مجموع مدل‌های ساده‌ی رگرسیون در این پژوهش نتیجه بهتری، با نتیجه میانگین خطای مطلق ۲/۷۵ سال روی داده‌های تست مجموعه داده HCP، نسبت به روش‌های دیگر داشتند. این همان مجموعه داده ای است که در این مقاله از آن استفاده شده است و سعی دارد به نتایج بهتری در پیش‌بینی سن مغز به همراه بررسی نواحی موثر مغزی که در پیش‌بینی سن نقش بیشتری دارند. در سال ۲۰۲۳، مین و همکاران [۲۳] با استفاده از مدل‌های لاسو، ماشین بردار پشتیبان، رگرسیون بردار پشتیبان، الگوریتم تقویت‌شده گرادینان و پرسپترون چند لایه بر روی داده‌های fMRI موفق به پیش‌بینی سن مغزی در محدوده ۴/۶-۸۲/۳ سال با میانگین خطای مطلق ۳/۲ سال شدند.

ناگفته نماند که مدل‌های شبکه عصبی پیچشی از روش‌های موفق در مسائل مرتبط به پردازش تصاویر همچنین اسکن‌های مغزی بوده است [۲۴] که در مورد پردازش تصاویر مغزی مانند MRI و fMRI در پژوهش‌های زیادی استفاده شده است [۲۵] تا [۳۰] و [۱۳] که وقتی با روش‌های دیگر مانند گراف‌ها ترکیب می‌شود ویژگی‌های بهتری را استخراج می‌کند [۲۵].

در مورد پیش‌بینی سن مغز هم، استفاده از مدل GNN با لایه‌های پیچشی توانسته پیشرفت خوبی را نسبت به مدل‌های دیگر نشان دهد، مانند کارهای [۳۱] و [۳۲]. برای مثال، در [۳۲]، مدلی از شبکه عصبی پیچشی گرافی<sup>۲</sup> با استفاده از تصاویر MRI آموزش داده شد که همین ساختار گرافی باعث شد مدل بتواند ویژگی‌های محلی و جهانی تصاویر را به طور اثر بخش استخراج کند. این ساختار گرافی باعث شد تا ارتباطات پیچیده و ساختارهای بین نواحی مختلف مغز را به دقت به تصویر درآید که در نتیجه اطلاعات گسترده‌تری را از تصاویر مغزی استخراج کند. ترکیب این

---

Linear Regression  
 Multilayer Perceptron Regression (MLP)  
 Relevance Vector Regression (RVR)  
 Kernel Ridge Regression (KRR)  
 K-Nearest Neighbors  
 Decision Tree  
 Random Forest  
 Adaptive Boosting (AdaBoost)  
 Convolutional Neural Network (CNN)  
 Graph Convolutional Network

<sup>۱</sup>Self-Attention

<sup>۲</sup>Squeeze-and-Excitation (SE) block

Recurrent Neural Network

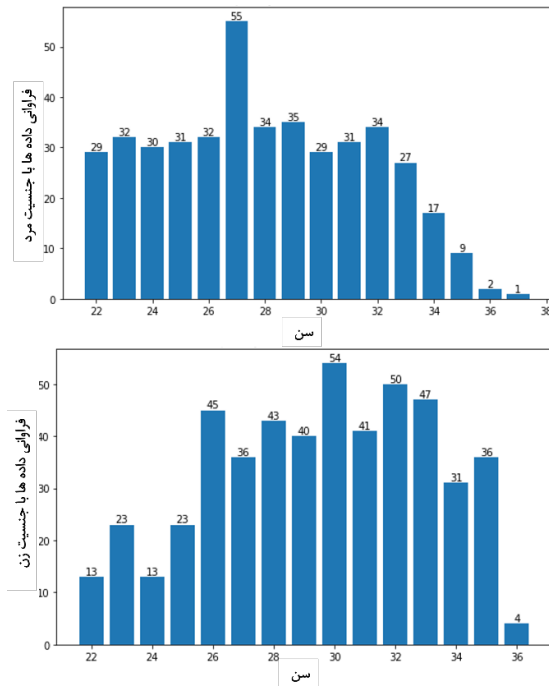
مغز، اطلاعات کلیدی و حساس‌تری را استخراج می‌کند و نسبت به نویز در داده‌ها مقاوم‌تر است. این کار برای پیش‌بینی سن در داده‌های تصویربرداری از مغز نوزادان موفق بوده است. در جدول ۱ خلاصه کارهای اخیر انجام شده در خصوص پیش‌بینی سن با تصاویر fMRI یا MRI، که به ترتیب سال با ذکر نتیجه آمده است.

فضایی و توپولوژیکی را از دست می‌دهند ولی مدل‌های گرافی می‌توانند از این ویژگی‌ها بهره ببرند و روابط ساختاری و مکانی شبکه مغزی را بهتر تحلیل کنند [۳۹]، [۴۷] تا [۴۸]. در میان تحقیقات اخیر، شبکه‌های پیچشی گراف ارتباطات مغزی نتایج امیدوارکننده‌ای را نشان داده‌اند. به‌ویژه، مدل BC-GCN-SE [۳۱]، که با افزودن بلوک‌های فشار و برانگیختگی (SE) بهبود یافته است که مزایایی دارد از جمله اینکه با تمرکز بر نواحی مهم‌تر

جدول (۱): کارهای اخیر پیش‌بینی سن مغزی با اسکن‌های مغزی

منبع	سال انتشار	مدل استفاده شده	نوع تصاویر	استفاده از تصحیح بایاس سن مغزی	بازه سنی مجموعه داده	نتیجه بر اساس MAE
لیم و همکاران [۲۱]	۲۰۱۶	SVR	fMRI و MRI	خیر	۱۹-۸۲ سال	۴/۲۹ سال
لی و همکاران [۲۶]	۲۰۱۸	CNN	fMRI	خیر	۸-۲۲ سال	۲/۱۵ سال
گونو و همکاران [۱۸]	۲۰۲۰	SVM	fMRI و MRI	خیر	۱۸-۹۴ سال	۱۱/۵۸ سال
موتی و همکاران [۴۹]	۲۰۲۰	مدل‌های خطی متغیر پنهان <sup>۱</sup> (FA, PCA)	fMRI	خیر	۲۲-۳۷ سال	۹/۵ سال
لی و همکاران [۵۰]	۲۰۲۱	.Linear reg, Ridge reg RVR, SVR, LASSO	sMRI	خیر	۲۲-۳۷ سال	۲/۶ سال
لی و همکاران [۳۱]	۲۰۲۲	GNN	fMRI	خیر	۶-۸۱۱ روز	۴۹ روز
لوندا و همکاران [۴۷]	۲۰۲۲	SLM <sup>۲</sup>	fMRI	خیر	۸-۲۲ سال	۲/۴۳ - ۲۴.۰۴ سال
هن و همکاران [۲۲]	۲۰۲۲	چندین مدل‌های خطی و غیر خطی، مدل‌های جمعی	MRI	بله	۲۲-۳۷ سال	۳/۲ - ۲۰.۷۵ سال
دینگ و همکاران [۱۳]	۲۰۲۳	CNN	fMRI	خیر	۱۹-۸۰ سال	۵/۳۳ سال
مین و همکاران [۲۳]	۲۰۲۳	RVR, SVR, LASSO و MLP و XGBoost	fMRI	بله	۸۲/۳ - ۴۴/۶ سال	۲.۲/۷۴ - ۳ سال
چنگ و همکاران [۲۰]	۲۰۲۴	LASSO	fMRI	خیر	۱۸-۷۸ سال	۱۲/۱ - ۳۲/۵۸ سال
لیم و همکاران [۳۲]	۲۰۲۴	GNN	MRI	بله	۲۰-۶۹ سال	۲/۸۵ سال

پردازش شده قابل دانلود است [۶۱]. شکل ۱ فراوانی داده‌ها بر اساس اسکن‌های مغزی به تفکیک مردان و زنان است.



شکل (۱): فراوانی داده‌ها بر اساس اسکن‌های مغزی به تفکیک مردان (شکل بالا) و زنان (شکل پایین)

## ۵. مدل پیشنهادی

مدل پیشنهادی از یک شبکه گراف کانولوشن (GCN) برای پیش‌بینی سن بر اساس داده‌های fMRI بهره می‌گیرد. این مدل ترکیب تکنیک‌های پیشرفته شبکه عصبی گرافی و بهینه‌سازی تکاملی برای بهبود دقت پیش‌بینی پیشنهاد شده است که در مطالعات گذشته از مدل‌های شبکه عصبی گرافی بر روی مجموعه داده HCP برای پیش‌بینی سن مغزی استفاده نشده بود. در این مطالعه، مدل GCN-SE برای پیش‌بینی سن با استفاده از داده‌های HCP با هدف گروه سنی ۲۲ تا ۳۶ سال با تغییر پارامترها تطبیق داده شده و ساختار مدل اصلی باقی مانده است. مسئله مهم در نظر گرفته شده دیگر، برای اصلاح بایاس در سن پیش‌بینی شده است، که مکانیزم خاصی در مرحله پس از یادگیری اضافه شده است. همچنین، پس از مدل‌سازی، از الگوریتم‌های ژنتیک برای شناسایی شبکه‌های مؤثرتر مغز استفاده می‌شود که بتواند شبکه‌های مرتبط‌تر و مؤثرتر را برای پیش‌بینی دقیق‌تر استخراج کند و بر روی عملکرد مدل تأثیر مثبت بگذارد. مراحل گفته شده و ساختار مدل در شکل ۲ نشان داده شده است.

در این مدل، داده‌های fMRI مردان و زنان به‌طور جداگانه پردازش می‌شوند تا تأثیر تفاوت‌های جنسیتی در ارتباطات مغزی از مدل پیش‌بینی حذف شود. در ابتدا، ماتریس‌های همبستگی کارکردی

## ۳. مفاهیم اساسی

مفاهیم پایه‌ای مرتبط با مقاله و همچنین توضیحی مختصر برای هرکدام آمده است:

پیش‌بینی سن مغزی: پیش‌بینی سن مغز از طریق تحلیل داده‌های تصویربرداری مغزی (fMRI و MRI) به دنبال سنجش سن مغزی از طریق تحلیل ویژگی‌های مختلف مغز است و تفاوت سن مغز و سن تقویمی می‌تواند نشان‌دهنده میزان تسریع یا تأخیر در پیری باشد.

fMRI (تصویربرداری تشدید مغناطیسی عملکردی): این تکنیک تصویربرداری مغزی ارتباطات کارکردی بین نواحی مغزی را در زمان واقعی نشان می‌دهد. استفاده از fMRI به‌ویژه در تحلیل تغییرات مربوط به سن بسیار کاربرد دارد، زیرا ارتباطات درون مغز با افزایش سن تغییر می‌کند [۴].

شبکه عصبی گرافی: این شبکه‌ی عصبی برای پردازش داده‌های ساختاریافته مانند گراف‌ها طراحی شده‌اند و در این مقاله برای مدل‌سازی ارتباطات پیچیده بین شبکه‌های مختلف مغز به‌کار رفته‌اند [۳۱].

الگوریتم ژنتیک: الگوریتم ژنتیک یک روش بهینه‌سازی مبتنی بر تکامل طبیعی است. در این مقاله برای شناسایی شبکه‌های مغزی که بیشترین تأثیر را بر پیش‌بینی سن دارند از الگوریتم ژنتیک استفاده شده است.

فاصله سنی مغز: فاصله سنی مغز معیاری است که تفاوت بین سن مغزی پیش‌بینی شده و سن تقویمی را نشان می‌دهد.

ماتریس ارتباطات کارکردی مغز: این ماتریس، همبستگی‌های زمانی بین نواحی مختلف مغز را نشان می‌دهد و نمایشی از شبکه مغزی است [۳۱].

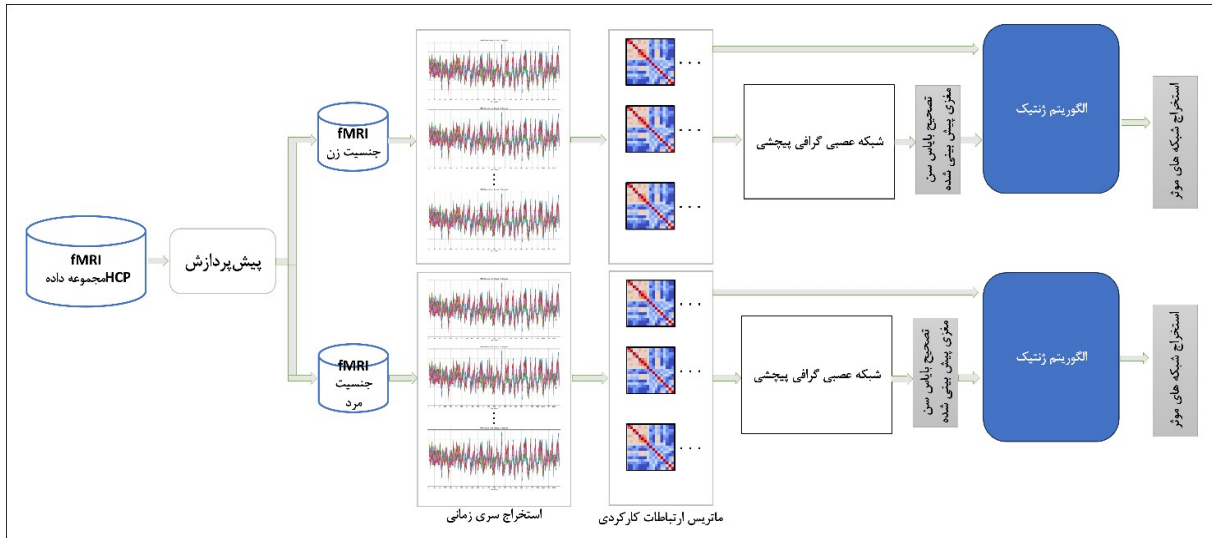
تصحیح بایاس سن مغزی: این تکنیک برای بهبود دقت پیش‌بینی سن مغزی استفاده می‌شود و خطاهای ناشی از سوگیری داده‌ها در بازه سنی را تصحیح می‌کند [۲۲].

## ۴. مجموعه داده

مجموعه داده HCP S1200 انتشار جامع داده‌های تصویربرداری از پروژه Human Connectome است که بر روی افراد بالغ جوان تمرکز دارد و به‌عنوان یکی از جامع‌ترین مجموعه‌های تصویربرداری مغزی شناخته می‌شود. این مجموعه داده دارای تصاویر fMRI بدون نویز و پیش‌پردازش اولیه شده از افراد سالم در حالت استراحت از ۲۲ تا ۳۷ سال و دارای انحراف معیار ۳/۶۸ سال و میانگین ۲۹/۵۵۹ سال،  $T = 1200$  فریم،  $TR = 0.72s$  که شامل ۴۹۸ نمونه زن و ۵۹۳ نمونه مرد است. هدف این مجموعه داده ترسیم ارتباطات مغز با استفاده از تکنیک‌های تصویربرداری عصبی پیشرفته است [۶۰] و [۳۹]. برای هر شخص دو fMRI راست به چپ و چپ به راست ثبت شده است و به صورت

طراحی شده است، به‌طور خاص برای تجزیه و تحلیل ارتباطات مغزی طراحی شده و با استفاده از ثبت روابط پیچیده بین‌شبکه‌های مختلف مغز به پیش‌بینی سن مغز کمک می‌کند. از این جهت این مدل ارائه شده می‌تواند هم ساختار گراف گونه مغز را حفظ کند و هم ارتباطات کارکردی را بین شبکه‌های مختلف مغز در نظر بگیرد.

برای هر فرد با استفاده از پنجره‌های لغزان داده‌های fMRI محاسبه می‌شود تا تغییرات دینامیکی در ارتباطات مغزی را ثبت کند. این ماتریس‌های همبستگی به‌عنوان ورودی‌های شبکه GCN عمل می‌کنند و ارتباطات کارکردی مغز را در قالب گراف نمایش می‌دهند. این شبکه گراف پیچشی که توسط لی و همکاران در سال ۲۰۲۲



شکل (۲): روند کلی روش پیشنهادی مطرح شده

## ۵-۱ پیش پردازش

تصاویر fMRI در مجموعه داده HCP s1200 به صورت بدون نویز و پیش پردازش شده ارائه شده و پیش‌پردازش‌های از پیش انجام شده شامل اصلاح به‌هم‌ریختگی ناشی از غیرخطی بودن گرادینان، اصلاح حرکت، اصلاح به‌هم‌ریختگی تصاویر EPI و ثبت غیرخطی به فضای MNI است. پیش‌پردازش‌های انجام شده در این مقاله شامل چندین مرحله است، ابتدا این تصاویر با ابزار wb\_command به صورت سری سری زمانی به دست آمد. سپس، داده‌های سری زمانی برای اطمینان از سازگاری نرمال سازی شدند. سپس داده‌ها بر اساس جنسیت، جداسازی افراد مرد و زن تقسیم شدند، به دلیل اینکه تفاوت‌های کاملاً مستندی در ساختار و عملکرد مغز بین مردان و زنان شامل تغییرات در حجم مغز، ضخامت قشر مغز و الگوهای اتصال وجود دارد. بنابراین الگوریتم‌های یادگیری ماشینی ممکن است زمانی که بر روی داده‌های جنسیت خاص آموزش داده می‌شوند می‌توانند عملکرد بهتری داشته باشند که منجر به پیش‌بینی دقیق‌تر و متناسب‌تری از سن مغزی می‌شود [۲۸]، بنابراین داده‌های افراد بر اساس جنسیت تفکیک شد. بعد از جدا سازی داده‌ها بر اساس جنسیت، مجزا دسته بندی می‌شود: ۲۲-۲۵، ۲۶-۳۰، و ۳۱-۳۵ سال. سنین ۳۶ سال و

علاوه بر دستیابی به دقت بالا در مدل، یک چالش کلیدی در پیش‌بینی سن مغزی، بایاس در تفاوت سن مغزی و سن واقعی افراد است، چون باعث می‌شود نتیجه تمایل داشته باشد که سن مغز را در افراد جوانتر بیش از حد و در افراد مسن تر آن را کمتر تخمین بزنند. یک روش تصحیح بایاس، استفاده از یک مدل رگرسیون خطی متناسب با سن پیش‌بینی شده و سن واقعی برای تصحیح سن پیش‌بینی شده است [۳] تا [۴]، [۱۹]، [۲۲]، [۶] و [۱۱]. برای رفع این مشکل، از یک روش اصلاح بایاس استفاده می‌شود که شامل یک مدل رگرسیون خطی بین سن پیش‌بینی شده و سن واقعی است تا تخمین‌های مغزی تصحیح شوند و از انحراف مدل جلوگیری شود.

معیار عملکرد میانگین مجموع خطا نشان می‌دهد که مدل ما به دقت بالاتری در پیش‌بینی سن در مقایسه با مدل‌های پایه دست می‌یابد و اثربخشی هر دو را نشان می‌دهد.

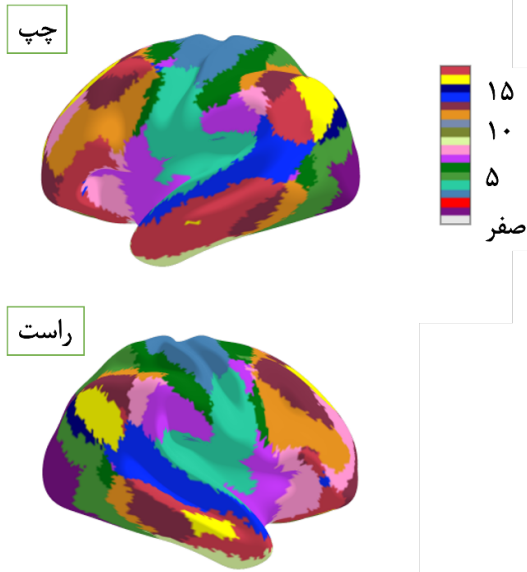
بعد از این مرحله، برای افزایش عملکرد مدل و تمرکز بر مرتبه‌ترین شبکه‌های مغز برای پیش‌بینی سن، یک الگوریتم ژنتیک برای بهینه‌سازی انتخاب شبکه‌های مغز استفاده می‌شود. این الگوریتم به صورت تکراری، ترکیبات مختلف شبکه‌های مغزی را بررسی کرده و بهترین زیرمجموعه از شبکه‌های مرتبط را که بیشترین تأثیر را در دقت پیش‌بینی دارند، شناسایی می‌کند. به این ترتیب، الگوریتم ژنتیک به مدل GCN کمک می‌کند تا به‌طور کارآمدتری از داده‌های fMRI برای پیش‌بینی دقیق‌تر سن استفاده کند.

Gradient-nonlinearity-induced distortion correction

Motion correction

EPI image distortion correction

Non-linear registration to MNI space



شکل (۱): اطلس Yeo17 بر روی یک تصویر نمونه fMRI

سپس ارتباطات کارکردی دو به دو بین ۱۷ ناحیه‌ی استخراج شده از اطلس Yeo17، مغز محاسبه شد، چنان که این محاسبه با استفاده از ضریب همبستگی پیرسون تعیین می‌شود، به این منظور که میزان همبستگی خطی بین سری‌های زمانی شبکه‌های مختلف چقدر است. این مقدار از یک تا منفی یک متغیر است، همبستگی بالا تر به یک نزدیک می‌شود و اگر همبستگی نداشته باشد صفر و مقادیر منفی همبستگی معکوس است. در این پژوهش مقادیر منفی، صفر در نظر گرفته شده است تا گراف با وزن منفی ساخته نشود. رابطه‌ی ۱ محاسبه‌ی همبستگی پیرسون را نشان می‌دهد.

$$r = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}} \quad (1)$$

در این رابطه،  $x$ ، شدت سیگنال یا سطح فعال سازی برای ناحیه  $x$  برای  $i$  امین نقطه زمانی در سری زمانی fMRI و  $y$  برای ناحیه دیگری است، درحالی‌که  $\bar{x}$  میانگین سری زمانی در یک ناحیه مغزی را نشان می‌دهد.

## ۲-۵ یادگیری شبکه عصبی گرافی

این بخش به تشریح شبکه عصبی گرافی استفاده شده پرداخته می‌شود، بنابراین پس از انجام پیش‌پردازش، ۲۰ درصد از افراد برای آزمایش و ۸۰ درصد برای آموزش مدل انتخاب شدند. سپس برای جلوگیری از تاثیر بالانس نبودن فراوانی داده‌ها در سن‌های مختلف، زیر نمونه‌گیری انجام شد.

جهت نمایش شبکه پیچیده ارتباطات بین شبکه‌های مغز، این کار به دو صورت قابل تجزیه و تحلیل است: ارتباطات کارکردی ایستا که ارتباطات مغز در طول دوره زمانی اسکن مغز نسبتاً پایدار باقی

بالاتر حذف می‌شود، زیرا فقط شامل ۱۴ نمونه (۰/۰۹٪) بود و بعد از حذف تعادل مجموعه داده حفظ می‌شود [۵۱]. برای اطمینان بیشتر بر روی نتایج بهتر است که اسکن fMRI از سمت راست به چپ و چپ به راست با هم استفاده شود تا نتیجه‌ی نهایی سوگیری بر جهت اسکن تصاویر نداشته باشد و این می‌تواند تفاوت‌های ناشی از سن را به حداقل برساند [۵۲].

بعد از پیش‌پردازش تصاویر مغزی fMRI از داده‌های HCP، اعمال کردن یک اطلس مغزی به منظور تقسیم‌بندی و تعیین نواحی مختلف مغز یکی از مراحل مهم و اساسی در تحلیل داده‌ها است [۵۳]. بنابراین از اطلس Yeo17 [۵۴] استفاده شده است، این اطلس قشر مغز انسان را به ۱۷ شبکه کارکردی مجزا بر اساس داده‌های fMRI در حالت استراحت تقسیم می‌کند که در شکل ۳ نمایش داده شده است. این شبکه‌ها شامل مجموعه‌ای از نواحی مغزی هستند که با توجه به همبستگی‌های فعالیت‌شان در حالت استراحت گروه‌بندی شده‌اند. برای این کار از کتابخانه پایتون hcp\_utils استفاده شد [۵۵]. ۱۷ شبکه از این اطلس به شرح زیر است: ۱- بصری مرکزی، ۲- بصری محیطی، ۳- حرکت جسمی پشتی، ۴- حرکت جسمی شکمی، ۵- توجه پشتی خلفی، ۶- انجمن جسمی حرکتی، ۷- توجه شکمی خلفی، ۸- توجه شکمی قدامی، ۹- گیجگاهی-لیمبیک داخلی، ۱۰- نواحی اوربیتوفرونتال مرتبط با سیستم لیمبیک، ۱۱- داخلی جداری فوقانی، ۱۲- پیشانی آهیانه‌ای داخلی، ۱۳- پیشانی آهیانه‌ای جانبی، ۱۴- شبکه حالت زمانی-پیش فرض جانبی، ۱۵- نواحی شکمی در شبکه حالت پیش فرض، ۱۶- نواحی پشتی در شبکه حالت پیش فرض و ۱۷- نواحی جانبی در شبکه حالت پیش فرض [۵۶].

- Central Visual
- Peripheral Visual
- Dorsal Somatomotor
- Ventral Somatomotor
- Posterior Dorsal Attention
- Somatomotor Association
- Posterior Ventral Attention
- Anterior Ventral Attention
- Medial Temporal-Limbic
- Orbitofrontal-Limbic
- Medial Superior Parietal
- Medial Frontoparietal
- Lateral Frontoparietal
- Lateral Temporal-Default mode network (DMN)
- Ventral-DMN
- Dorsal-DMN
- Lateral-DMN

اتصال مستقیم: اتصال بین شبکه‌های  $i - j$  مرتبه-۰ است  $(P_{ij}^0)$ ، اتصال غیر مستقیم: اتصالات  $i - j - k$  مرتبه-۱ است  $(P_{ij}^1)$ ، مسیر مرتبه- بالاتر. هر مسیر یک اسکالر برابر با مجموع یال‌های ترکیبی آن است، به طور مثال  $P_{ij}^1 = E_{i,k} + E_{k,j}$ ،  $P_{ij}^2 = E_{i,k} + E_{k,l} + E_{l,j}$ ، مورد لایه‌های شبکه گرافی می‌توان این رابه صورت زیر تعریف کرد سپس لایه‌های آن را روی هم چید و تکرار کرد. بنابراین فرمول لایه  $l$  ام شبکه به صورت رابطه ۲ است.

$$P_{ij}^{0,l+1} = \sum_{s=0}^l \left( \sum_{k=1}^n |P_{ij}^{s,l}| P_{i,j}^{s,k,l} w_{s,k}^l \right) \theta_s^l \quad (2)$$

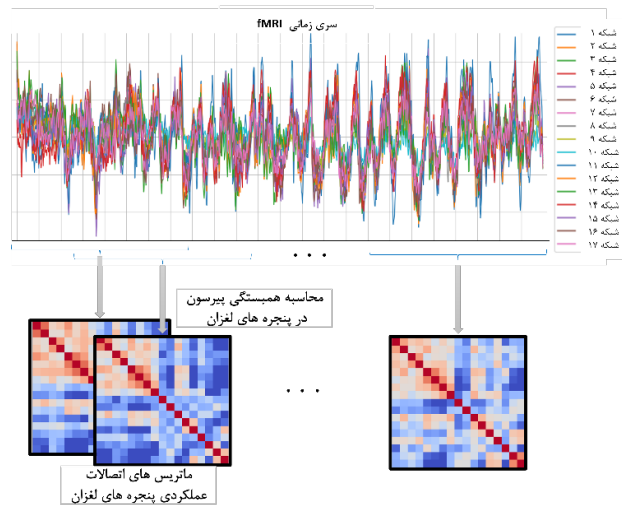
که در این رابطه،  $P_{ij}^{s,l}$ ،  $k$ ،  $s$  بین گره  $i$  و  $j$  است. در ادامه برای کاهش پیچیدگی محاسباتی مسیرهای مرتبه-صفر و مرتبه-یک را در نظر می‌گیرد. بعد از ساده سازی به صورت رابطه-های ۳ و ۴ در می‌آید.

$$E_{i,j}^{l+1} = \sum_{k=1}^n |P_{ij}^{0,l+1}| + |P_{ij}^{1,l+1}| (E_{i,k}^l + E_{k,j}^l) w_{1,k}^l \theta_1^l \quad (3)$$

$$E_{i,j}^{l+1} = \sum_{k=1}^n (E_{i,k}^l + E_{k,j}^l) w_k^l \quad (4)$$

سپس بلوک تحریک و فشار اضافه شده که نوع دیگری از شبکه عصبی کانولوشن است که برای بهبود تمرکز مدل بر روی آموزنده ترین ویژگی‌ها طراحی شده است. این شامل لایه‌ی توجه است که وزنی را به هر کانال اختصاص می‌دهد که نشان می‌دهد آن کانال چقدر برای کار مورد نظر اهمیت دارد و در نهایت خروجی این عملیات مجموعه جدیدی از ویژگی‌ها را از داده‌های ورودی تولید می‌کند که با تاکید بر کانال‌های مهم می‌تواند به عملکرد بهتر در رگرسیون منجر شود. لایه‌های ادغام لایه و گره که در ادامه اضافه می‌شود که کاهش اندازه داده‌ها را انجام می‌دهد در عین حال در تلاش حفظ اطلاعات مهم داده‌های گرافی است. این لایه‌های ادغام به مدل کمک می‌کنند تا ویژگی‌های مهم را به صورت فشرده‌تر و موثرتر پردازش کند، و در نهایت به دقت و کارایی بیشتری در تحلیل داده‌های مغزی دست یابد. بعد از پیش پردازش داده‌ها، داده‌های HCP یعنی اسکن‌های fMRI هم چپ به راست و هم راست به چپ ترکیب و به آموزش و آزمون به نسبت ۸/۰ و ۲/۰ تقسیم شد. پنجره‌های لغزان به طول ۳۰۰ و مشترک ۳۰ انتخاب شد که از این داده‌های تولید شده ماتریس‌های ارتباطات کارکردی آنها محاسبه و به شبکه عصبی گرافی پیچشی داده شد. تعداد دورهای آموزشی ۱۰ تنظیم شده که با اعتبارسنجی متقابل ۱۰ لایه، ۱۰ مرتبه آموزش داده شده است. برای اطمینان از نتایج حاصل، میانگین کل پنجره‌های سری زمانی از fMRI هر شخص به عنوان نتیجه از شبکه عصبی در نظر گرفته شده است. نتایج تابع ضرر دوره‌های آموزش و اعتبارسنجی برای مردان و زنان به ترتیب به صورت شکل ۶ و ۷ آمده است.

می‌ماند و نشان دهنده میانگین روابط بین شبکه‌های مغز است و ارتباطات کارکردی پویا که مغز ارتباطات مغز را به صورت در حال نوسان می‌بیند [۴۸]. در روش پویا از پنجره لغزان برای تقسیم بندی داده‌های سری زمانی به برش‌های کوچکتر استفاده می‌شود که با حرکت دادن پنجره در کل سری زمانی می‌تواند برش‌های یک اسکن را برای یادگیری استفاده کند [۳۱]. در این پژوهش از لایه‌های همپوشان هم برای تولید بخش‌ها استفاده شده است. برای هر برش زمانی، ماتریس همبستگی پیرسون با استفاده از کتابخانه پایتون hcp\_utils محاسبه شده است. این ماتریس‌ها گراف‌های کارکردی کوتاه مدت شبکه‌های مغز را تعریف می‌کنند که نشان می‌دهد که چگونه این ارتباطات به صورت پویا در طول زمان تغییر می‌کنند (شکل ۴).



شکل (۲): تبدیل سری زمانی به ماتریس‌های ارتباطات کارکردی

در این تحقیق شبکه عصبی گرافی با پیروی از شبکه عصبی لی و همکاران [۳۱]، شبکه عصبی گراف‌یاز سه لایه پیچشی مسیر گرافی همراه با فشرده‌گی و تحریک، لایه ادغام لایه و ادغام گره<sup>۲۵</sup> تشکیل شده است که در شکل ۵ آمده است.

این مدل به‌گونه‌ای طراحی شده که به طور خاص برای پردازش داده‌های ارتباطات مغزی مناسب باشد. این مدل از هر دو جنبه‌ی لایه‌ها و گره‌ها برای استخراج ویژگی‌های پیچیده استفاده می‌کند. ابتدا داده‌های ارتباطی در یک لایه ورودی به شکل ماتریس ۱۷ در ۱۷ دریافت می‌شوند و سپس ماژول پیچشی مسیر گرافی ویژگی‌های کلیدی ارتباطات را استخراج می‌کند. همانطور که بین شبکه‌های مغزی شامل روابط مستقیم و غیر مستقیم است، تعریف‌های گرافی زیر در مورد این ماژول استفاده شده است:

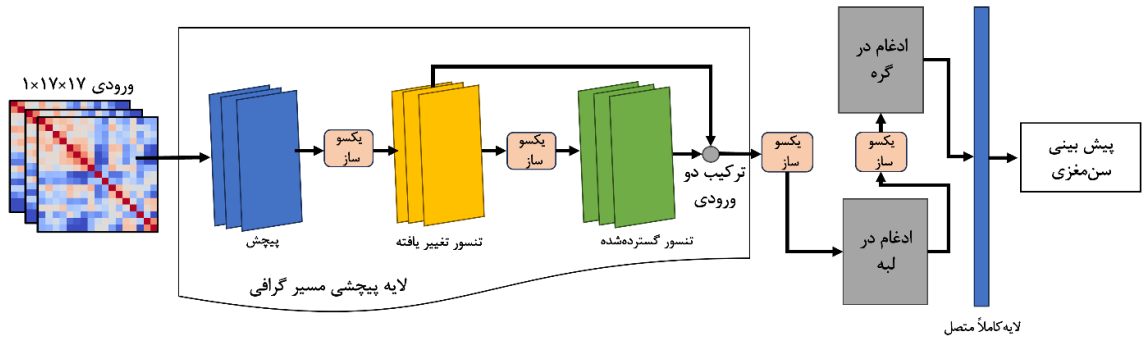
Sliding Window

Squeeze-and-Excitation

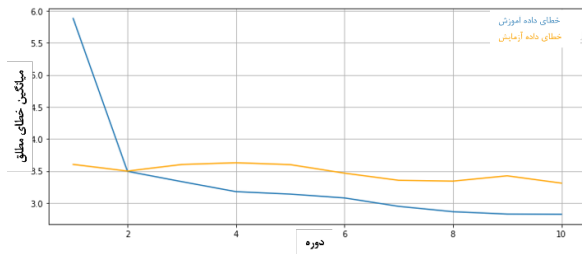
Edge Pooling

Node Pooling

Graph Path Convolution



شکل (۳): نمایش کلی از معماری شبکه عصبی گرافی به کار رفته



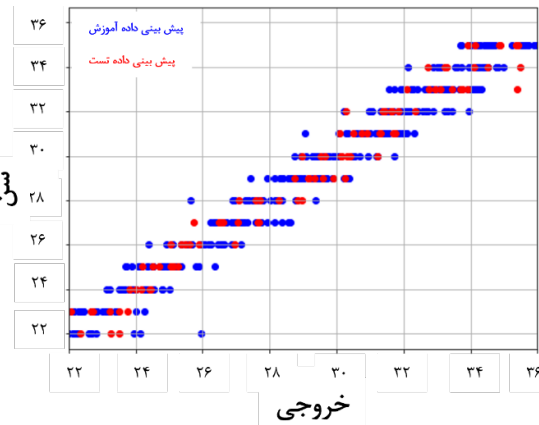
شکل (۵): نتایج تابع ضرر MAE در حین دورهای آموزش و اعتبار سنجی متقابل برای داده‌های زنان

در نهایت به  $MAE = 3/1$  برای داده‌های آموزش و  $MAE = 3/5$  برای داده‌های آزمون با داده‌های مربوط به زنان دست یافته شد. در ادامه برای نتایج بهتر از روش تصحیح بایاس، از یک مدل رگرسیون خطی متناسب با سن پیش‌بینی شده و سن واقعی برای تصحیح سن پیش‌بینی، استفاده شده است تا مدل نهایی با مدل‌های پیشین که از این روش استفاده کرده‌اند قابل مقایسه باشد. از بین روش‌هایی که برای تصحیح بایاس پیش‌بینی سن مغزی وجود دارد، در میان آنها روش تصحیح بایاس از بهشتی انتخاب شده است [۵۷]، رابطه ۵ این را نمایش می‌دهد:

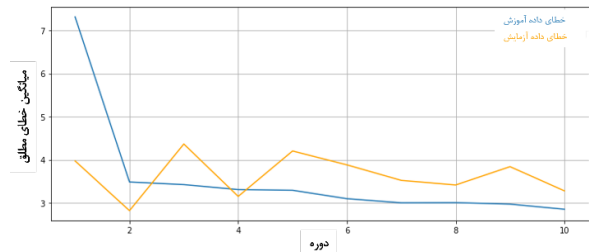
(۵)

$$\text{سن واقعی} - \text{سن پیش‌بینی} = \text{سن تصحیح شده} \\ \left( \alpha \times \text{سن واقعی} + \beta \right)$$

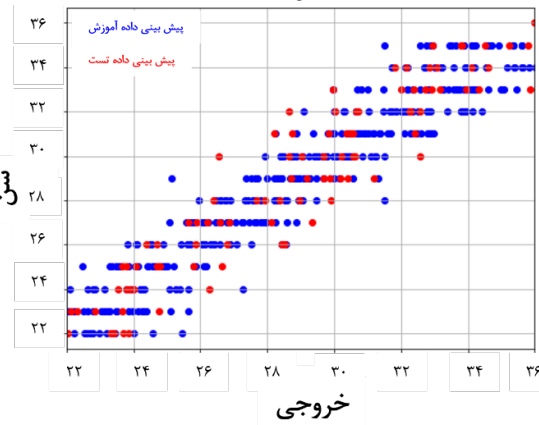
که  $\alpha$  و  $\beta$  از متغیرهای رگرسیون خطی به دست آمدند و در این رابطه ۵ برای تصحیح بایاس خروجی استفاده می‌شود. شکل‌های ۸ و ۹ ترسیم پراکندگی از سن واقعی و سن پیش‌بینی شده را به ترتیب مردان و زنان نمایش می‌دهد. بعد از این کار به  $MAE = 0/86$  و  $0/68$  برای داده‌های آموزش و  $MAE = 1/1$  و  $0/67$  برای داده‌های آزمون به ترتیب مردان و زنان دست یافته شد. که این مقادیر نشان می‌دهد این روش کمک شایانی در افزایش دقت مدل داشته است.



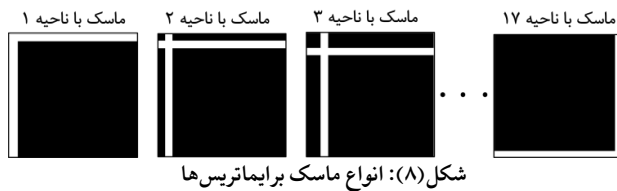
شکل (۶): ترسیم پراکندگی از سن واقعی و سن پیش‌بینی شده بر روی داده‌های آموزش و آزمون - مردان



شکل (۴): نتایج تابع ضرر یا MAE در حین دورهای آموزش و اعتبار سنجی متقابل برای مردان



شکل (۷): ترسیم پراکندگی از سن واقعی و سن پیش‌بینی شده بر روی داده‌های آموزش و آزمون - زنان



شکل (۸): انواع ماسک برای ماتریس‌ها

جمعیت اولیه الگوریتم از کروموزوم‌ها که متناظر با ماتریس مجاورت هر شخص است، ساخته می‌شود. این موقعیت اولیه در فضای جستجو می‌تواند بر عملکرد الگوریتم تأثیر بگذارد [۵۸]. بنابراین از رندم برای تولید جمعیت اولیه استفاده شده است.

تابع برازندگی در مسائل ژنتیک تابعی برای ارزیابی افراد جمعیت الگوریتم است. در این مسئله هم کیفیت افراد جمعیت به این صورت تعریف می‌شود که کم کردن شبکه‌های مغزی به منظور کاهش فضای جست و جو به همراه حفظ دقت پیش‌بینی سن کیفیت برازندگی را نشان می‌دهد. بنابراین یک ماسک که همان انتخاب شبکه‌ها است بر روی ژن‌های کروموزوم یا فرد اعمال می‌شود و ماتریس تولید شده از این ژن‌های جدید به شبکه عصبی گرافی که آموزش داده شده، تحویل داده می‌شود. بنابراین، هر کروموزوم بر روی داده‌های آموزش به وسیله شبکه ارزیابی می‌شود که خروجی آنها سن پیش‌بینی شده است، اما تابع برازندگی در این مسئله با مقایسه‌ی سن واقعی تعیین می‌شود که در اینجا از معیار MAE استفاده شده است. این تابع مطابق رابطه ۷ محاسبه می‌شود.

$$f_x = \left( w_1 \frac{1}{n(x)} \right) \left( w_2 \frac{1}{\text{normalized } (MAE(x))} \right) \quad (V)$$

در رابطه‌ی ۷، به یک کروموزوم اشاره می‌کند. یک کروموزوم یک بردار با طول تعداد شبکه‌ها است که هر کدام از شبکه‌ها می‌تواند باشد یا نباشد. همچنین نشانگر تعداد شبکه‌های انتخابی در آن کروموزوم است که معکوس آن به دنبال پیدا کردن شبکه‌های کمتر می‌باشد. در این بین دو وزن برای تأثیر برازندگی و تعداد شبکه‌ها آورده شد که مجموع آنها برابر ۱ می‌باشد، بنابراین این دو وزنه باید به تعادلی برسند که هم فضای جست و جو را کاهش دهد و شبکه‌های مغزی موثرتر را بدهد و هم از دقت آن خیلی کم نشود [۱۴]. به این منظور، دو ضریب  $w_1$  و  $w_2$  به ترتیب ۰/۹ و ۰/۱ مقدار دهی شده است تا تمرکز بر روی کاهش تعداد شبکه‌های مغزی باشد و از اضافه کردن شبکه طی دوره‌ها خودداری کند. هر چقدر  $w_1$  بیشتر باشد اهمیت کاهش تعداد شبکه‌های مغزی بیشتر خواهد بود و هر چقدر  $w_2$  مقدار بیشتری داشته باشد، خطای میانگین مطلق کمتر خواهد شد. همانطور که در شکل ۱۱ نمایش داده شده است، روند این تابع به این صورت است که هم از شبکه آموزش داده شده و هم از ماتریس‌های ماسک شده برای محاسبه برازش استفاده می‌کند.

## ۵-۳ الگوریتم ژنتیک

یکی از چالش‌های اصلی در تجزیه و تحلیل fMRI، ابعاد بالای داده‌ها است، ولی با ماتریس ارتباطات کارکردی و به علاوه اینکه انتخاب شبکه‌های مناسب می‌تواند تا حدی اطلاعات جامعی در مورد ارتباط بین شبکه‌های مختلف مغز فراهم کرد.

فضای جستجو مجموعه‌ای از تمام راه‌حل‌های امکان‌پذیر برای یک مسئله معین است و هر نقطه در این فضا نشان‌دهنده یک راه‌حل بالقوه است و هر راه‌حل دارای ارزش متناسب است. الگوریتم ژنتیک نوعی الگوریتم بهینه‌سازی الهام‌گرفته از فرآیند تکاملی است که برای جستجوی بهترین راه‌حل در فضای جستجو استفاده می‌شود [۱۶] و [۵۸]. در این پژوهش هم هدف از استفاده از این روش شناسایی شبکه‌های مغزی مهم مربوط به پیش‌بینی سن جهت توضیح پذیری نتیجه است.

## ۵-۴ فرموله کردن مسئله برای ژنتیک

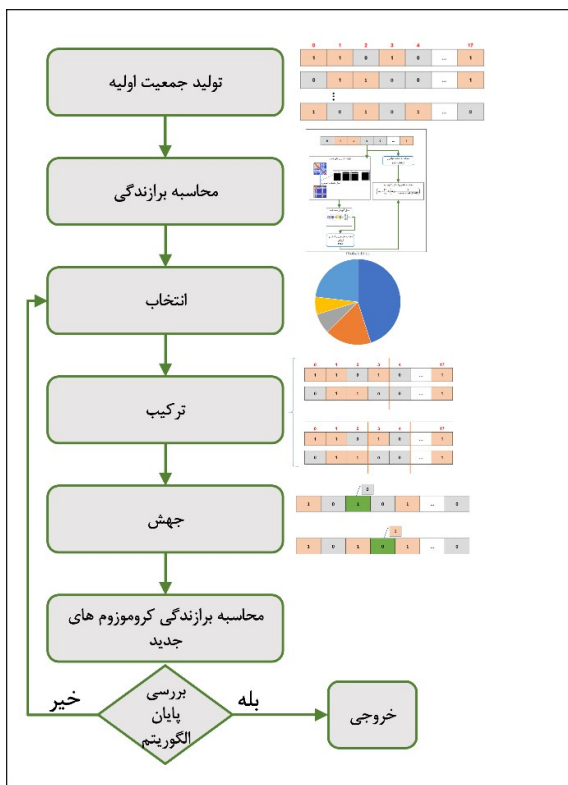
بعد از به دست آوردن گراف از شبکه‌های مغزی برای هر فرد و ماتریس مجاورت آن، شبکه عصبی GCN-SE ذکر شده آموزش داده شد، از الگوریتم ژنتیک برای بهینه‌سازی انتخاب این شبکه‌های مغزی با ارزیابی زیرمجموعه‌ها و ترکیبات مختلف استفاده می‌شود تا منجر به شناسایی آموزنده‌ترین ویژگی‌ها شود. ماتریس مجاورت در این گراف نیز ماتریس ارتباطات کارکردی است که در مراحل پیشین محاسبه شد. بنابراین فضای وسیعی از ترکیب‌های احتمالی از شبکه‌های مختلف مغز را پیمایش می‌کند تا فضاهایی که بیشترین سهم را در پیش‌بینی سن دقیق مغز دارند، پیدا کند و در نتیجه تفسیرپذیری مدل را بهبود می‌بخشد و همچنین به کاهش ابعاد کمک می‌کند.

به این منظور هر سطر یا ستون از ماتریس مجاورت می‌تواند یک ژن از کروموزوم باشد، در نتیجه، تعداد ژن‌ها در یک کروموزوم به طور مستقیم با تعداد شبکه‌های مغز مطابقت دارد. هر کروموزوم نشان‌دهنده آرایه‌ای از اعداد صفر و یک مربوط به تعداد کل ناحیه‌ها (طول ۱۷) در فضای جستجو است، این مقادیر به ترتیب نشان‌دهنده عدم وجود و حضور ناحیه مربوطه است. شکل ۱۰ ماسک‌هایی را نشان می‌دهد که به صورت ترکیبی از آنها متناسب با کروموزوم بر روی ماتریس‌های مختلف اعمال می‌شوند تا ماتریس‌های جدید برای ساخت کروموزوم‌ها ایجاد شوند. هر یک از این ۱۷ ماسک از ماتریس ارتباطات کارکردی استخراج می‌شوند که متقارن هم هستند. در این فرآیند، شبکه فعال در سطر و ستون‌های مربوطه مقدار یک دریافت کرده و سایر شبکه‌های مقدار صفر می‌گیرند. به این ترتیب، ۱۷ ماسک مختلف تولید می‌شود که هر کدام یک شبکه خاص از مغز را فعال می‌کند.

از کروموزوم‌ها، انتخاب افراد برای مرحله‌ی ترکیب بر اساس چرخ رولت، سپس ترکیب و جهش، مجدد برازندگی برای افراد جدید محاسبه می‌شود و در پایان ارزیابی اتمام الگوریتم با توجه با همگرا شدن جمعیت در مقدار نهایی انجام می‌گردد.

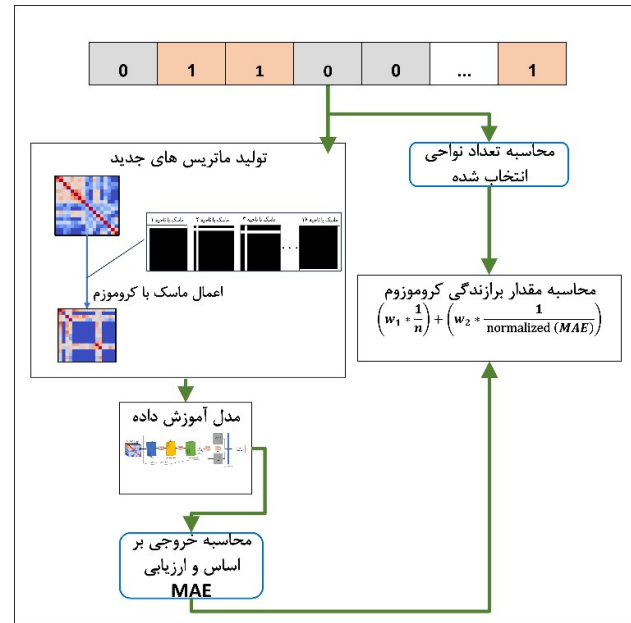
جدول (۲): پارامترهای تنظیم شده برای الگوریتم ژنتیک

پارامتر
اندازه جمعیت
طول کروموزوم
تعداد تکرار
نرخ جهش
نرخ ترکیب



شکل (۱۰): روند کلی الگوریتم ژنتیک مطرح شده

شکل ۱۱ و ۱۲ روند همگرایی تابع برازندگی را به ترتیب برای جنسیت مرد و زن نمایش می‌دهد. این نمودار نشان دهنده روند همگرایی تابع است و از دوره مشخص شده در تصویر به بعد مقدار تابع برازندگی ثابت بوده و الگوریتم متوقف شده است. مقدار تابع شایستگی در ابتدا نوسانات زیادی دارد سپس به تدریج کاهش می‌یابد تا نمودار به حالت همگرا برسد.



شکل (۹): تابع برازندگی

اندازه جمعیت اولیه هم مهم است چراکه جمعیت کم می‌تواند سریع همگرا شود و جمعیت زیاد هم باعث می‌شود که زمان زیادی برای پردازش صرف کند و کند تر همگرا شود. بنابر این جمعیت اولیه ۱۲۰ در نظر گرفته شد. برای بخش اپراتور انتخاب از روش انتخاب چرخ رولت استفاده شد، این روش انتخاب به هر کروموزوم شانسی یکسان یکسان داده می‌شود و همین تنوع جمعیت را می‌تواند بیشتر کند [۱۴]. برازندگی هر کروموزوم در جمعیت الگوریتم ژنتیک نسبت به مجموع برازندگی تمام کروموزوم‌های جمعیت محاسبه می‌شود تا احتمال انتخاب هر فرد به دست آید. اگر برازندگی فرد  $f_i$  و  $N$  تعداد کل افراد جمعیت باشد، در این صورت احتمال انتخاب فرد به صورت رابطه‌ی ۶ محاسبه می‌شود:

$$p_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^N f_j} \quad (6)$$

برای ترکیب از استراتژی دو یا سه نقطه استفاده شده است که بین دو یا سه نقطه برای ترکیب به طور تصادفی ژن‌هایی انتخاب می‌شود چراکه بر اساس مطالعات در [۵۹] این روش از لحاظ ایجاد تنوع بهتر از تک نقطه‌ای است و از لحاظ همگرایی بهتر از uniform است. و برای جهش از انتخاب یک نقطه رندوم بین شبکه‌ها و تغییر آن از صفر به یک یا برعکس است. در جدول ۲ خلاصه پارامترهای مربوط به بخش ژنتیک آمده است.

شکل ۱۰ روند کلی الگوریتم ژنتیک مطرح شده را نمایش می‌دهد. که به طور خلاصه نشان روند گفته شده را نشان می‌دهد. این مراحل شامل تولید جمعیت اولیه، محاسبه برازندگی برای هر کدام

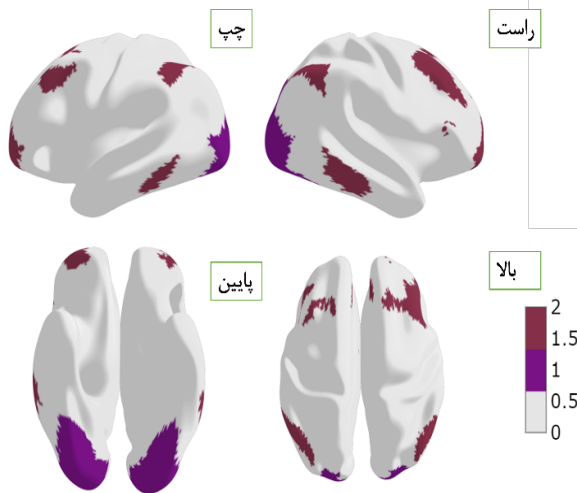
<sup>۲۰</sup>Roulette Wheel Selection

<sup>۲۱</sup>Crossover

<sup>۲۲</sup>Mutation

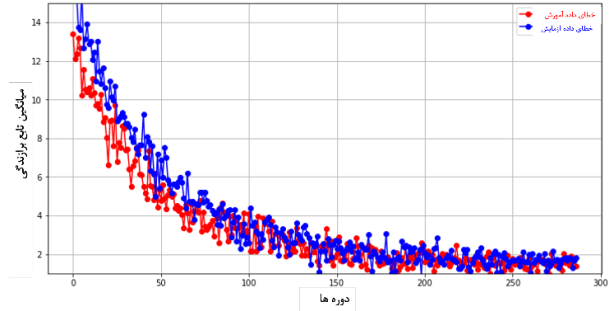
جدول (۳): خروجی الگوریتم ژنتیک با داده تصاویر مغزی مردان به عنوان شبکه‌های مغزی موثر

ناحیه از yeo17	نام ناحیه	توضیح ناحیه
۱	network_1	بصری مرکزی
۱۳	network_13	پیشانی آهیانه‌ای جانبی

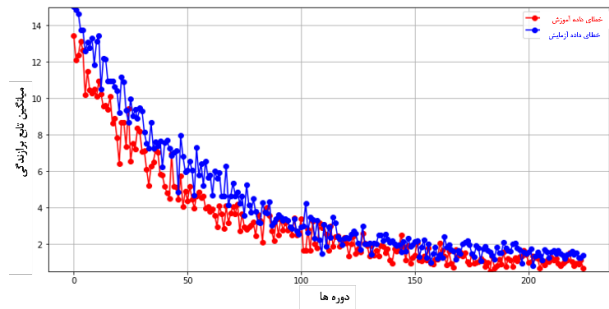


شکل (۱۳): خروجی شبکه‌های موثر با داده تصاویر مغزی مردان و اطلس yeo17

همینطور برای جنسیت زنان، نتیجه استخراج شبکه‌های موثر در پیش‌بینی در جدول ۴ و شکل ۱۶، نشان می‌دهد که شبکه‌های ۱، ۵ و ۱۵ (به ترتیب رنگ‌های بنفش، سبز و آبی) به عنوان شبکه‌های موثر شناخته شده اند که با حذف بقیه شبکه‌های از اطلس yeo17، MAE آزمایش شده است، که این افزایش دقت پیش‌بینی و متمرکز شدن بر روی شبکه‌های مهم مغزی در روند پیری مغز را نشان می‌دهد، این کار باعث شد بهبود MAE برای داده آموزش به اندازه ۰/۰۸۴ و تخریب آن در داده آزمایش به اندازه ۰/۵۹۱ شود ولی این مقدار تخریب ناچیز برای پیش‌بینی سن توانسته شبکه‌های دیگر را حذف کند و با تمرکز بر روی سه تا از شبکه‌های مغزی به نتایج نزدیک به ۱۷ شبکه دست یابد که این نشان می‌دهد الگوریتم ژنتیک توانسته بهینه‌سازی انتخاب شبکه‌های مغزی را انجام دهد و شبکه‌های غیر موثر یا کمتر مؤثر در پیش‌بینی سن را شناسایی و حذف کند. تمرکز بر شبکه‌های مغزی منتخب (شبکه‌های ۱، ۵ و ۱۵ از اطلس Yeo17) نه تنها به افزایش دقت مدل کمک کرده، بلکه پیچیدگی محاسباتی را نیز کاهش داده است. خود این نشان‌دهنده این است که به جای استفاده از تمام شبکه‌های مغزی موجود، تمرکز بر تعدادی از شبکه‌های کلیدی می‌تواند به نتایج پیش‌بینی قابل قبولی برسد.



شکل (۱۱): نمودار همگرایی تابع برازندگی - جنسیت مرد



شکل (۱۲): نمودار همگرایی تابع برازندگی - جنسیت زن

## ۶. مقایسه و ارزیابی

در حالی که MAE یک معیار مهم است، تنها معیار ارزش یک مدل نیست. GCN ها با گرفتن ساختار و روابط زیربنایی در داده‌ها، درک غنی‌تر و جامع‌تری از پیش‌بینی سن مغز ارائه می‌دهند. این مدل‌ها ممکن است در میان جمعیت‌ها و مجموعه داده‌های مختلف تعمیم بهتری داشته باشند.

نتایج نهایی از به دست آوردن فضای کوچکتر شبکه‌ها مغزی در پیش‌بینی سن مغزی جنسیت مرد در جدول ۳ و شکل ۱۵ آمده است که جدول لیست خروجی از شبکه‌های نهایی موثر آمده است و در شکل متناظر آن شبکه‌ها در شکل سه بعدی به تصویر کشیده شده است که در آن رنگ بنفش ناحیه ۱، رنگ زرشکی ناحیه ۱۳ را نمایش می‌دهد. همانطور که در جدول ۳ و شکل ۱۵ آمده است، شبکه‌های ۱، ۱۳ بر اساس تقسیم بندی مغزی yeo17 شبکه‌ها موثر هستند که MAE آموزش به ۰/۸۲۵ و آزمایش به ۲/۰۰۳ رسیده است. با اینکه این مقدار نسبت به مرحله قبل در داده آموزش ۰/۹۶ و در داده آزمایش ۱/۳۲ باعث تخریب MAE شده است ولی کوچک شدن فضای شبکه‌ها به شبکه‌های کمتر، کمک می‌شود تا پیچیدگی محاسبات برای پیش‌بینی سن مغز کاهش یابد.

جدول (۲): پارامترهای تنظیم شده برای الگوریتم ژنتیک

پارامتر	مقدار
اندازه جمعیت	۱۲۰
طول کروموزوم	۱۷
تعداد تکرار	۵۰۰
نرخ جهش	۳۰%
نرخ ترکیب	۲۰%

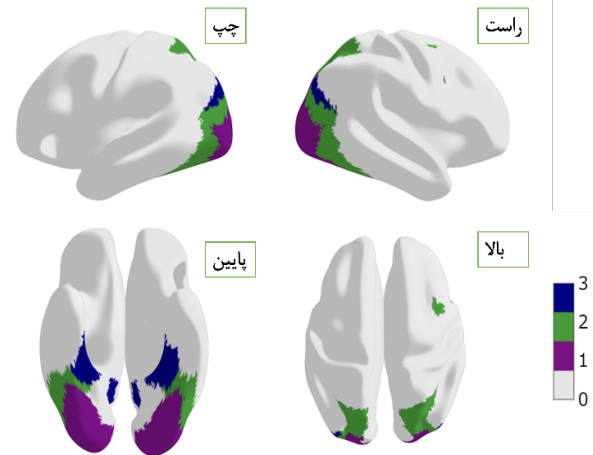
بوده است که حتی با کاهش تعداد شبکه‌ها، مدل همچنان به دقتی نزدیک به دقت اولیه، که تمام شبکه‌های مغزی را در نظر می‌گیرد، دست یابد. همچنین، مدل پیشنهادی با حذف تأثیر جنسیت و اعمال تصحیح بایاس سن مغزی، در بهبود دقت نتایج و کاهش خطا نسبت به مدل‌های قبلی موفق عمل کرده است.

جدول (۴): خروجی الگوریتم ژنتیک با داده تصاویر مغزی زنان به عنوان

شبکه‌های مغزی موثر		
توضیح ناحیه	نام ناحیه	ناحیه از yeo17
بصری مرکزی	network_1	۱
توجه پشتی خلفی	network_5	۵
نواحی شکمی در شبکه حالت پیش فرض	network_15	۱۵

جدول (۶): مقایسه نتایج مقاله با نتایج مقالات مشابه

منبع	نتیجه براساس میانگین خطای مطلق (سال)	حذف تاثیر جنسیت	نواحی مورد استفاده	استفاده از تصحیح بایاس سن مغزی
مونتی و همکاران [۴۹]	۹,۵	خیر	تمام نواحی مغزی	خیر
هن و همکاران [۲۲]	۲,۷۵	خیر	تمام نواحی مغزی	بله
لی و همکاران [۵۰]	۲,۶	خیر	تمام نواحی مغزی	خیر
مدل پیشنهادی	مرد: ۲,۰۰۳ زن: ۱,۲۶۱	بله	نواحی مربوط به شبکه‌های مرد: ۱ و ۱۳ زن: ۱,۵ و ۱۵	بله



شکل (۱۴): خروجی شبکه‌های موثر با داده تصاویر مغزی زنان و اطلس yeo17

نتیجه این مقاله که در جدول ۵ ذکر آمده، نشان می‌دهد این مدل پیشنهادی بر روی داده‌های آزمایش میانگین خطای مطلق (MAE) را برای مردان و زنان به ترتیب ۲/۰۰۳ و ۱/۲۶۱ به دست آورده است.

جدول (۵): نتایج بعد از الگوریتم ژنتیک

جنسیت	میانگین خطای مطلق (سال) برای داده آموزش	میانگین خطای مطلق (سال) برای داده آزمایش	شبهه‌های موثر از اطلس Yeol7
مرد	۱/۸۲۵	۲/۰۰۳	۱ و ۱۳
زن	۱/۰۱۶	۱/۲۶۱	۱, ۵, ۱۵

نتایج این مقاله در مقایسه با نتایج پیش‌بینی سن مغزی در بازه سنی ۲۲ تا ۳۷ سال و مجموعه داده HCP، در جدول ۵ آمده است، نشان می‌دهد که مدل پیشنهادی دقت بالاتری در پیش‌بینی سن برای هر دو جنسیت دارد. در این جدول، میانگین خطای مطلق (MAE) در مدل پیشنهادی برای مردان و زنان نسبت به دیگر مقالات مقایسه شده عملکرد بهتری نشان می‌دهد.

برای افزایش دقت و کارآمدی، از الگوریتم ژنتیک استفاده شده تا ترکیب بهینه‌ای از شبکه‌های مغزی را بیابد؛ ترکیبی که با حفظ دقت در پیش‌بینی، تنها روی شبکه‌های مهم تمرکز دارد. هدف این

### ۱-۵ معیار ارزیابی

عملکرد مدل برای پیش‌بینی سن مغزی معمولاً با استفاده از معیارهایی مانند ضریب همبستگی (r) بین سن پیش‌بینی شده توسط مغز و سن تقویمی، ضریب تعیین (R<sup>2</sup>)، خطای میانگین مربعات ریشه (RMSE) و میانگین خطای مطلق (MAE) ارزیابی می‌شود [۳]، [۷] و [۱۳]. فرمول‌های محاسبه MAE و RMSE و R<sup>2</sup> به ترتیب در رابطه‌های ۸، ۹ و ۱۰ آمده است.

$$MAE(y, \hat{y}) = \frac{\sum_{i=0}^{N-1} |y_i - \hat{y}_i|}{N} \quad (8)$$

$$RMSE(y, \hat{y}) = \sqrt{\frac{\sum_{i=0}^{N-1} (y_i - \hat{y}_i)^2}{N}} \quad (9)$$

$$R^2(y, \hat{y}) = 1 - \frac{\sum_{i=0}^{N-1} (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=0}^{N-1} (\hat{y}_i - y_i)^2} \quad (10)$$

معیار RMSE زمانی مفید است که احتیاج باشد خطاهای بزرگ به شدت جریمه شود، R<sup>2</sup> هم معیاری را ارائه می‌دهد که نشان دهنده نسبت واریانس در متغیر وابسته است که از متغیرهای مستقل قابل پیش‌بینی است و مقدار آن بین صفر و یک است. در بین آنها

Root Mean Square Error

Mean Absolute Error

## ۸. کارهای آینده

مدل‌های پیش‌بینی در حال حاضر، روش پیشنهادی بر داده‌های محدودی تکیه می‌کنند، ولی هر چه داده‌های آموزشی بیشتر باشد نتایج بیشتر قابل اعتماد می‌شود. گسترش مجموعه شرکت‌کنندگان و شامل افراد با بازه سنی بیشتر، مدل‌های دقیق‌تر و قابل تعمیم‌تری ایجاد می‌کند که در نهایت منجر به پیش‌بینی بهتر در مورد پیری مغز می‌شود.

پیشنهادات برای تحقیقات آینده شامل بهبود مدل‌های شبکه عصبی گرافی، استفاده از داده‌های بیشتر و متنوع‌تر، و بررسی تأثیر دیگر عوامل مانند ژنتیک و محیط بر فرآیند پیری مغز است. همچنین، ترکیب این رویکرد با دیگر تکنیک‌های تصویربرداری و تحلیل داده می‌تواند به نتایج دقیق‌تر و جامع‌تری منجر شود. از سوی دیگر استفاده از اطلس‌های مغزی با تعداد شبکه‌های بیشتر موجب می‌شود تا ناحیه‌های ناشناخته‌تر در روند پیری شناسایی شوند، چراکه از محدودیت‌های این تحقیق پردازش تصاویر fMRI با اطلس‌های بالا بود؛ بنابراین می‌تواند اطلاعات دقیق‌تر و جزئیات بیشتر در مورد عملکرد ارتباطات مغزی برای پیشگیری بیماری مربوط به مغز دهد.

## مراجع

- [1] J. H. Cole *et al.*, "Brain age predicts mortality," *Molecular Psychiatry*, vol. 23, no. 5, pp. 1385–1392, Apr. 2017, doi: 10.1038/mp.2017.62.
- [2] J. H. Cole *et al.*, "Longitudinal Assessment of Multiple Sclerosis with the Brain-Age Paradigm," *Annals of Neurology*, vol. 88, no. 1, pp. 93–105, May 2020, doi: 10.1002/ana.25746.
- [3] A. G. De Lange *et al.*, "Mind the gap: Performance metric evaluation in brain-age prediction," *Human Brain Mapping*, vol. 43, no. 10, pp. 3113–3129, Mar. 2022, doi: 10.1002/hbm.25837.
- [4] M. S. Treder, J. P. Shock, D. J. Stein, S. Du Plessis, S. Seedat, and K. A. Tsvetanov, "Correlation constraints for regression models: Controlling bias in brain age Prediction," *Frontiers in Psychiatry*, vol. 12, Feb. 2021, doi: 10.3389/fpsy.2021.615754.
- [5] S. Sihag, G. Mateos, and A. Ribeiro, "Towards a Foundation Model for Brain Age Prediction using coVariance Neural Networks," *arXiv (Cornell University)*, Feb. 2024
- [6] L. K. S. Kumari and R. Sundarajan, "A review on brain age prediction models," *Brain Research*, vol. 1823, p. 148668, Jan. 2024, doi: 10.1016/j.brainres.2023.148668.
- [7] J. H. Cole, K. Franke, and N. Cherbuin, "Quantification of the biological age of the brain using neuroimaging," in *Healthy ageing and longevity*, 2019, pp. 293–328. doi: 10.1007/978-3-030-24970-0\_19.

MAE معیاری ساده و قابل تفسیر از میانگین خطای پیش‌بینی سن و سن واقعی فرد است و نسبت به داده‌های پرت استحکام بیشتری دارد. در این مقاله هم از MAE به عنوان معیار ارزیابی استفاده شده است تا مزایای آن معیار را داشته باشد و همچنین با کارهای مشابه دیگر قابل مقایسه باشد.

## ۷. جمع بندی

در این مقاله، رویکرد جدیدی از یادگیری مدل پیش‌بینی سن مغز با شبکه عصبی گرافی و الگوریتم تکاملی پیشنهاد داده شد. این رویکرد ترکیبی از تحلیل تصاویر fMRI، شبکه عصبی گرافی-GCN-SE، تکنیک اصلاح بایاس سن مغز، و الگوریتم ژنتیک را به کار می‌گیرد تا دقت پیش‌بینی سن مغز را بهبود بخشد و شبکه‌های کلیدی مغز را که بیشترین تأثیر را در فرآیند پیری دارند شناسایی کند. ابتدا، با استفاده از شبکه عصبی گرافی-GCN-SE، پیش‌بینی سن انجام شد، این مدل خاص برای تحلیل داده‌های ارتباطات مغزی توسعه یافته است و از هر دو بعد لبه‌ها و گره‌ها برای استخراج ویژگی‌های پیچیده‌استفاده می‌کند و برای پیش‌بینی سن مغز با استفاده از fMRI مناسب است. پس از انجام پیش‌بینی، تکنیک اصلاح بایاس سن مغز اعمال شد تا دقت پیش‌بینی‌ها افزایش یابد و سوگیری‌هایی که در این بازه سنی وجود دارند، تصحیح شوند چراکه معمولاً سن مغز در افراد جوانتر بیش از حد و در افراد مسن تر آن کمتر تخمین زده می‌شود.

سپس، الگوریتم ژنتیک به کار گرفته شد تا شبکه‌های و ارتباطات مغزی که بیشترین تأثیر را بر پیش‌بینی سن دارند شناسایی شوند تا به تخریب کمتر نتیجه پیش‌بینی سن شبکه‌های مغزی موثر را در پیش‌بینی سن مغز به تصویر بکشد. این الگوریتم با جستجوی هوشمند در فضای ممکن، بهترین زیرمجموعه از شبکه‌های مغزی و ارتباطات را که به مدل بهبود یافته کمک می‌کنند، پیدا کرد. نتایج نشان داد که استفاده از این رویکرد ترکیبی به همراه اصلاح بایاس سن مغزی، منجر به پیش‌بینی‌های دقیق‌تر سن مغز و شناسایی شبکه‌های کلیدی مغزی در فرآیند پیری می‌شود.

این شبکه‌های به ترتیب برای زنان عبارتند از: بصری مرکزی، توجه پشتی خلفی، نواحی شکمی در شبکه حالت پیش‌فرض؛ برای مردان: بصری مرکزی و پیشانی آهیانه‌ای جانبی. نتایج این مدل از نظر مقدار خطای میانگین مطلق (MAE) نسبت به سایر روش‌ها که بر روی مجموعه داده HCP انجام شده‌اند، دقت بیشتری را نشان می‌دهد. به‌طور خاص، مقدار MAE در مجموعه داده آزمایش برای مردان و زنان به ترتیب ۲/۰۳ و ۱/۲۶۱ به دست آمده است. همچنین، این مقاله در مقایسه با مطالعات مشابه، نتایج دقیق‌تریدر کنار استخراج شبکه‌های مغزی مؤثر در پیش‌بینی سن مغز ارائه می‌دهد که نتایج در جدول ۵ ذکر شده‌اند.

- [20] J. R. Chang, Z.-F. Yao, S. Hsieh, and T. E. M. Nordling, "Age prediction using Resting-State Functional MRI," *Neuroinformatics*, vol. 22, no. 2, pp. 119–134, Feb. 2024, doi: 10.1007/s12021-024-09653-x.
- [21] F. Liem et al., "Predicting brain-age from multimodal imaging data captures cognitive impairment," *NeuroImage*, vol. 148, pp. 179–188, Mar. 2017, doi: 10.1016/j.neuroimage.2016.11.005.
- [22] J. Han, S. Y. Kim, J. Lee, and W. H. Lee, "Brain Age Prediction: A Comparison between Machine Learning Models Using Brain Morphometric Data," *Sensors*, vol. 22, no. 20, p. 8077, Oct. 2022, doi: 10.3390/s22208077.
- [23] M. Xiong, L. Lin, Y. Jin, W. Kang, S. Wu, and S. Sun, "Comparison of machine learning models for brain age prediction using six imaging modalities on Middle-Aged and Older Adults," *Sensors*, vol. 23, no. 7, p. 3622, Mar. 2023, doi: 10.3390/s23073622.
- [24] M. Oquab, L. Bottou, I. Laptev, and J. Sivic, "Learning and Transferring Mid-level Image Representations Using Convolutional Neural Networks," *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Jun. 2014, doi: 10.1109/cvpr.2014.222.
- [25] Y. Joo et al., "Brain age prediction using combined deep convolutional neural network and multi-layer perceptron algorithms," *Scientific Reports*, vol. 13, no. 1, Dec. 2023, doi: 10.1038/s41598-023-49514-2.
- [26] H. Li, T. D. Satterthwaite, and Y. Fan, "Brain age prediction based on resting-state functional connectivity patterns using convolutional neural networks," *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*, Apr. 2018, doi: 10.1109/isbi.2018.8363532.
- [27] T. Hepp et al., "Uncertainty estimation and explainability in deep learning-based age estimation of the human brain: Results from the German National Cohort MRI study," *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 92, p. 101967, Sep. 2021, doi: 10.1016/j.compmedimag.2021.101967.
- [28] N. Sanford et al., "Sex differences in predictors and regional patterns of brain age gap estimates," *Human Brain Mapping*, vol. 43, no. 15, pp. 4689–4698, Jul. 2022, doi: 10.1002/hbm.25983.
- [29] K. M. Poloni and R. J. Ferrari, "A deep ensemble hippocampal CNN model for brain age estimation applied to Alzheimer's diagnosis," *Expert Systems With Applications*, vol. 195, p. 116622, Jun. 2022, doi: 10.1016/j.eswa.2022.116622.
- [30] A. Kolbeinsson et al., "Accelerated MRI-predicted brain ageing and its associations with cardiometabolic and brain disorders," *Scientific Reports*, vol. 10, no. 1, Nov. 2020, doi: 10.1038/s41598-020-76518-z.
- [31] Y. Li et al., "Brain connectivity based graph convolutional networks and its application to infant age
- [8] N. Bittner et al., "When your brain looks older than expected: combined lifestyle risk and BrainAGE," *Brain Structure & Function*, vol. 226, no. 3, pp. 621–645, Jan. 2021, doi: 10.1007/s00429-020-02184-6.
- [9] J. Han, S. Y. Kim, J. Lee, and W. H. Lee, "Brain Age Prediction: A Comparison between Machine Learning Models Using Brain Morphometric Data," *Sensors*, vol. 22, no. 20, p. 8077, Oct. 2022, doi: 10.3390/s22208077.
- [10] J.-H. Heinrichs, "Brain age Prediction and the Challenge of Biological Concepts of Aging," *Neuroethics*, vol. 16, no. 3, Sep. 2023, doi: 10.1007/s12152-023-09531-4.
- [11] S. More, G. Antonopoulos, F. Hoffstaedter, J. Caspers, S. B. Eickhoff, and K. R. Patil, "Brain-age prediction: A systematic comparison of machine learning workflows," *NeuroImage*, vol. 270, p. 119947, Apr. 2023, doi: 10.1016/j.neuroimage.2023.119947.
- [12] J.-H. Heinrichs, "Brain age Prediction and the Challenge of Biological Concepts of Aging," *Neuroethics*, vol. 16, no. 3, Sep. 2023, doi: 10.1007/s12152-023-09531-4.
- [13] W. Ding, X. Shen, J. Huang, H. Ju, Y. Chen, and T. Yin, "Brain age prediction based on Resting-State Functional MRI using similarity metric convolutional neural network," *IEEE Access*, vol. 11, pp. 57071–57082, Jan. 2023, doi: 10.1109/access.2023.3283148.
- [14] H. Shahamat and M. S. Abadeh, "Brain MRI analysis using a deep learning based evolutionary approach," *Neural Networks*, vol. 126, pp. 218–234, Jun. 2020, doi: 10.1016/j.neunet.2020.03.017.
- [15] L. K. Ferreira and G. F. Busatto, "Resting-state functional connectivity in normal brain aging," *Neuroscience & Biobehavioral Reviews/Neuroscience and Biobehavioral Reviews*, vol. 37, no. 3, pp. 384–400, Mar. 2013, doi: 10.1016/j.neubiorev.2013.01.017.
- [16] S. Hiwa, Y. Kohri, K. Hachisuka, and T. Hiroyasu, "Region-of-interest extraction of fMRI data using genetic algorithms," *IEEE Symposium Series on Computational Intelligence (SSCI)*, Dec. 2016, doi: 10.1109/ssci.2016.7850135.
- [۱۷] نویسندگان مقاله فا حورانی اسامه، مقدم چرکری نصراله، جلیلی سعید. روش یادگیری گروهی چندوجهی برای کدگشایی اشیای دیداری از دادگان fMRI مغزی. پردازش علائم و داده‌ها. ۱۴۰۰؛ ۱۸ (۳): ۱۲۶-۱۰۹
- [18] J. Gonneaud et al., "Functional brain age prediction suggests accelerated aging in preclinical familial Alzheimer's disease, irrespective of fibrillar amyloid-beta pathology," *bioRxiv (Cold Spring Harbor Laboratory)*, May 2020, doi: 10.1101/2020.05.06.076745.
- [19] C. Constantinides et al., "Brain ageing in schizophrenia: evidence from 26 international cohorts via the ENIGMA Schizophrenia consortium," *medRxiv (Cold Spring Harbor Laboratory)*, Jan. 2022, doi: 10.1101/2022.01.10.21267840.

- [44] A. Bessadok, M. A. Mahjoub, and I. Rekik, "Graph Neural networks in network Neuroscience," arXiv (Cornell University), Jan. 2021, doi: 10.48550/arxiv.2106.03535.
- [45] J. Fox and S. Rajamanickam, "How robust are graph neural networks to structural noise?," arXiv (Cornell University), Jan. 2019, doi: 10.48550/arxiv.1912.10206.
- [46] J. You, X. Ma, D. Y. Ding, M. Kochenderfer, and J. Leskovec, "Handling Missing Data with Graph Representation Learning," arXiv (Cornell University), Jan. 2020, doi: 10.48550/arxiv.2010.16418.
- [47] M. J. Lund, D. Alnæs, A.-M. G. De Lange, O. A. Andreassen, L. T. Westlye, and T. Kaufmann, "Brain age prediction using fMRI network coupling in youths and associations with psychiatric symptoms," *NeuroImage. Clinical*, vol. 33, p. 102921, Jan. 2022, doi: 10.1016/j.nicl.2021.102921.
- [48] S. Gadgil, Q. Zhao, A. Pfefferbaum, E. V. Sullivan, E. Adeli, and K. M. Pohl, "Spatio-Temporal Graph Convolution for Resting-State fMRI analysis," in *Lecture notes in computer science*, 2020, pp. 528–538. doi: 10.1007/978-3-030-59728-3\_52.
- [49] R. P. Monti *et al.*, "Interpretable brain age prediction using linear latent variable models of functional connectivity," *PLoS ONE*, vol. 15, no. 6, p. e0232296, Jun. 2020, doi: 10.1371/journal.pone.0232296.
- [50] W. H. Lee, M. Antoniadis, H. G. Schnack, R. S. Kahn, and S. Frangou, "Brain age prediction in schizophrenia: Does the choice of machine learning algorithm matter?," *Psychiatry Research Neuroimaging*, vol. 310, p. 111270, Mar. 2021, doi: 10.1016/j.psychres.2021.111270.
- [51] A. Said *et al.*, "NeuroGraph: Benchmarks for Graph Machine Learning in Brain connectomics," arXiv (Cornell University), Jan. 2023, doi: 10.48550/arxiv.2306.06202.
- [52] N. Zuo, Z. Yang, Y. Liu, J. Li, and T. Jiang, "Both activated and less-activated regions identified by functional MRI reconfigure to support task executions," *Brain and Behavior*, vol. 8, no. 1, Dec. 2017, doi: 10.1002/brb3.893.
- [53] R. M. Lawrence *et al.*, "Standardizing human brain parcellations," *Scientific Data*, vol. 8, no. 1, Mar. 2021, doi: 10.1038/s41597-021-00849-3.
- [54] B. T. T. Yeo *et al.*, "The organization of the human cerebral cortex estimated by intrinsic functional connectivity," *Journal of Neurophysiology*, vol. 106, no. 3, pp. 1125–1165, Sep. 2011, doi: 10.1152/jn.00338.2011.
- [55] "hcp-utils," PyPI, Jan. 14, 2020. <https://pypi.org/project/hcp-utils/> (accessed Jun. 26, 2024).
- [56] J. B. King and J. S. Anderson, "Sustained versus instantaneous connectivity differentiates cognitive functions of processing speed and episodic memory," *prediction*," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 41, no. 10, pp. 2764–2776, Oct. 2022, doi: 10.1109/tmi.2022.3171778.
- [32] H. Lim, Y. Joo, E. Ha, Y. Song, S. Yoon, and T. Shin, "Brain Age Prediction Using Multi-Hop Graph Attention Combined with Convolutional Neural Network," *Bioengineering*, vol. 11, no. 3, p. 265, Mar. 2024, doi: 10.3390/bioengineering11030265.
- [33] S. Ghosh, E. Bhargava, C.-T. Lin, and S. S. Nagarajan, "Graph Convolutional learning of multimodal Brain Connectome data for schizophrenia classification," *bioRxiv* (Cold Spring Harbor Laboratory), Jan. 2023, doi: 10.1101/2023.01.05.522960.
- [34] Y. Yu *et al.*, "Deep Dag Learning of Effective Brain Connectivity for fMRI Analysis," *PubMed*, Apr. 2023, doi: 10.1109/isbi53787.2023.10230429.
- [35] Y. Chen, A. Liu, X. Fu, J. Wen, and X. Chen, "An invertible Dynamic Graph convolutional Network for Multi-Center ASD classification," *Frontiers in Neuroscience*, vol. 15, Feb. 2022, doi: 10.3389/fnins.2021.828512.
- [36] X. Li *et al.*, "BrainGNN: Interpretable Brain Graph Neural Network for fMRI analysis," *Medical Image Analysis*, vol. 74, p. 102233, Dec. 2021, doi: 10.1016/j.media.2021.102233.
- [37] W. Tong *et al.*, "fMRI-Based Brain Disease Diagnosis: A Graph Network Approach," *IEEE Transactions on Medical Robotics and Bionics*, vol. 5, no. 2, pp. 312–322, May 2023, doi: 10.1109/tmrb.2023.3270481.
- [38] Q.-Q. Chen, Y. Gao, W. Tong, P. Li, and E. Wu, "fMRI-based Brain Disease Diagnosis: A Graph Network Approach," *IEEE Transactions on Medical Robotics and Bionics*, Jan. 2023, doi: 10.36227/techrxiv.21862560.v1.
- [39] S. Gadgil, Q. Zhao, A. Pfefferbaum, E. Sullivan V., E. Adeli, and K. M. Pohl, "Spatio-Temporal Graph Convolution for Resting-State fMRI analysis," arXiv (Cornell University), Jan. 2020, doi: 10.48550/arxiv.2003.10613.
- [40] Z. Zhang, P. Cui, and W. Zhu, "Deep Learning on Graphs: a survey," arXiv (Cornell University), Jan. 2018, doi: 10.48550/arxiv.1812.04202.
- [41] O. Sporns, "Foreword," in *Elsevier eBooks*, 2016, pp. 20–48. doi: 10.1016/b978-0-12-407908-3.09999-4.
- [42] F. Noman *et al.*, "Graph autoencoders for embedding learning in brain networks and major depressive disorder identification," arXiv (Cornell University), Jan. 2021, doi: 10.48550/arxiv.2107.12838.
- [43] X. Kan, H. Cui, J. Lukemire, Y. Guo, and C. Yang, "FBNETGEN: Task-Aware GNN-based fMRI analysis via Functional Brain Network Generation," arXiv (Cornell University), Jan. 2022, doi: 10.48550/arxiv.2205.12465.

- Human Brain Mapping, vol. 39, no. 12, pp. 4949–4961, Aug. 2018, doi: 10.1002/hbm.24336.
- [57] A.-M. G. De Lange and J. H. Cole, “Commentary: Correction procedures in brain-age prediction,” *NeuroImage. Clinical*, vol. 26, p. 102229, Jan. 2020, doi: 10.1016/j.nicl.2020.102229.
- [58] S. N. Sivanandam and S. N. Deepa, *Introduction to genetic algorithms*, 1st ed. Springer Verlag, 2007[32, pp. 23–46].
- [59] K. Sastry and D. Goldberg, “Analysis of Mixing in Genetic Algorithms: A survey,” 2002. <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:2141269>
- [60] L. Liu et al., “BrainTGL: A dynamic graph representation learning model for brain network analysis,” *Computers in Biology and Medicine*, vol. 153, p. 106521, Feb. 2023, doi: 10.1016/j.combiomed.2022.106521.
- [61] “ConnectomeDB,” Human Connectome. [https://db.humanconnectome.org/data/projects/HCP\\_1200](https://db.humanconnectome.org/data/projects/HCP_1200) (accessed Apr. 05, 2024).



نسترن حسن زاده، دوره‌ی کارشناسی خود را در دانشگاه شهید بهشتی گذراند و در حال حاضر دانشجوی کارشناسی ارشد مهندسی کامپیوتر در دانشگاه تربیت مدرس است. زمینه پژوهشی مورد علاقه ایشان، پردازش تصاویر و یادگیری ماشین است.



محمد صنیعی آباده، مدرک کارشناسی خود را در رشته مهندسی کامپیوتر از دانشگاه صنعتی اصفهان در سال ۱۳۸۰، مدرک کارشناسی ارشد خود را در رشته هوش مصنوعی از دانشگاه علم و صنعت ایران در سال ۱۳۸۲ و دکترای خود را در رشته هوش مصنوعی از دانشکده مهندسی کامپیوتر دانشگاه صنعتی شریف در بهمن ماه ۱۳۸۶ دریافت کرد. دکتر صنیعی آباده در حال حاضر دانشیار دانشکده مهندسی برق و کامپیوتر در دانشگاه تربیت مدرس است. پژوهش‌های ایشان عمدتاً بر توسعه الگوریتم‌های پیشرفته فرامکاشفه‌ای برای کشف دانش از داده‌های بزرگ متمرکز بوده است. علایق پژوهشی ایشان شامل هوش مصنوعی توضیح‌پذیر، داده‌کاوی زیست‌پزشکی، تحلیل تصاویر پزشکی، بیوانفورماتیک، هوش محاسباتی، سیستم‌های فازی ژنتیکی، تحلیل نظرها و محاسبات الهام‌گرفته از طبیعت می‌باشد.