

Deep Learning para la detección de Encefalitis Herpética (HSVE)

Carlos Breuer Carrasco

Universidad Internacional de la Rioja, Logroño (España)

16 de julio de 2023

RESUMEN

Con el propósito de desarrollar herramientas complementarias al diagnóstico médico de la enfermedad rara *encefalitis herpética* (HSVE), el presente trabajo realiza el diseño, implementación y evaluación de modelos de red neuronal convolucional (CNN) para clasificar imágenes de resonancia magnética (MRI) del cerebro humano según esté sano o presente dicha enfermedad. Se ha seguido una metodología incremental, de tal modo que la exactitud de clasificación obtenida en cada modelo trata de mejorar la obtenida en los modelos anteriores, alcanzando, finalmente, una exactitud en pruebas de 0.83 y una exhaustividad de 0.77. Se han empleado modelos pre-entrenados mediante *Transfer Learning* y aplicado técnicas de regularización para reducir el sobreajuste. Los experimentos realizados en este trabajo sientan las bases de futuros trabajos a mayor escala, en los que se entrenen y perfeccionen modelos de CNN empleando un mayor número de imágenes MRI, permitiendo obtener resultados más fiables.

I. INTRODUCCIÓN

El objetivo del presente trabajo consiste en implementar y evaluar diversos modelos de red neuronal convolucional (CNN) para la clasificación de imágenes de secuencias de resonancia magnética (MRI) del cerebro humano según se encuentre sano o afectado por la enfermedad rara encefalitis herpética (HSVE). Con el fin de obtener resultados precisos y significativos, se ha seguido un procedimiento compuesto por varias fases.

En primer lugar, se obtuvo un total de 745 imágenes MRI del repositorio *Radio-paedia* (<https://radiopaedia.org/?lang=us>), las cuales fueron sometidas a un proceso de pre-procesamiento. A continuación, se llevó a cabo una primera fase de experimentos

consistente en evaluar el rendimiento de modelos pre-entrenados de CNN con diferentes arquitecturas sobre el problema de clasificación. Posteriormente, se realizó una segunda fase de experimentos para determinar cuál de 3 subconjuntos, seleccionados a partir del conjunto inicial de imágenes, se adaptaba mejor a un modelo de CNN y, finalmente, se realizó una tercera fase consistente en evaluar el impacto sobre las métricas de clasificación tras aplicar técnicas de regularización.

Al finalizar todos los experimentos, se determinó que el problema de clasificación es resuelto alcanzando resultados satisfactorios. Concretamente, el último modelo de la tercera iteración alcanzó una exactitud (*accuracy*) sobre el conjunto de pruebas (test) del 0.8295, siendo capaz de clasificar correctamente el

unir
LA UNIVERSIDAD
EN INTERNET

PALABRAS CLAVE

Deep Learning,
Encefalitis herpética (HSVE),
Imágenes de Resonancia magnética (MRI),
Red neuronal convolucional (CNN),
Transfer Learning

82.95% de las imágenes MRI en las dos clases correspondientes. Este último modelo empleó mediante *Transfer Learning* el modelo pre-entrenado 'ResNet50' (He et al., 2015), al ser el único en superar el valor 0.70 tanto en exhaustividad como en exactitud en pruebas en la primera iteración de experimentos. Además, se utilizó el conjunto inicial compuesto por 745 imágenes, al tratarse del subconjunto de datos que mejor rendimiento presentó en la segunda iteración, junto a las imágenes sintéticas generadas mediante aumento de datos en la tercera iteración. Por otro lado, se aplicaron varias técnicas de regularización, mejorando así los resultados sobre las métricas de clasificación del modelo y reduciendo el sobreajuste inicial. Estos resultados, los cuales se presentan de forma esquemática en la figura 1, demuestran la eficacia del uso de CNN, así como de otras técnicas de *Deep Learning*, en la clasificación de imágenes MRI de cerebros sanos y afectados por HSVE.

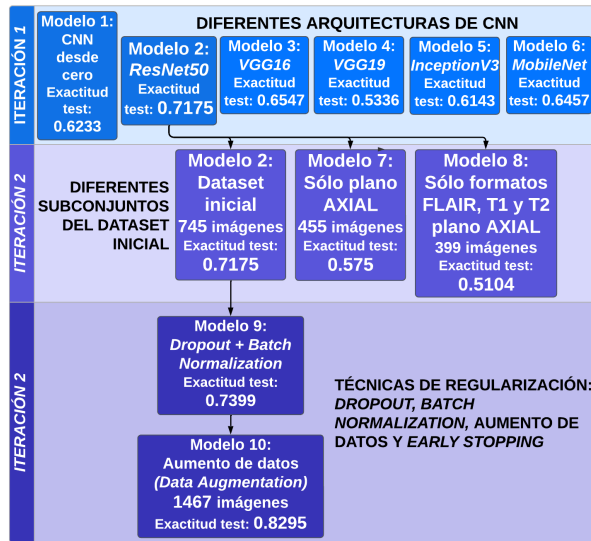


Figura 1: Resultados de experimentos

II. ESTADO DEL ARTE

A. Encefalitis herpética simple

La HSVE es una enfermedad rara causada por el virus del herpes simple que provoca inflamación en el cerebro (MayoClinic, 2023).

Se estima que afecta a 1 de cada 250.000 o 500.000 personas y representa el 20 % de todos los casos de encefalitis. La HSVE suele afectar de manera asimétrica a los lóbulos frontal y temporal del cerebro, lo que puede provocar disfunciones cognitivas en el lenguaje, en la memoria, en el comportamiento y en la personalidad (Orphanet, 2015).

Existen dos tipos de HSVE, dependiendo del tipo de virus del herpes involucrado. El virus del herpes simple tipo 1 (HSV-1) representa el 90 % de los casos, mientras que el virus del herpes simple tipo 2 (HSV-2) constituye el 10 % restante. El HSV-1 se transmite principalmente a través del contacto del virus en los ojos, los labios o la saliva, mientras que el HSV-2 se transmite principalmente por contacto sexual (WHO, 2023).

B. Resonancia Magnética Nuclear

La resonancia magnética nuclear (RMN) es una técnica ampliamente utilizada para estudiar el sistema nervioso humano. Se basa en la aplicación de una onda electromagnética sobre los núcleos de hidrógeno presentes en el cerebro, permitiendo obtener imágenes detalladas de su estructura y densidad para la detección de distintas enfermedades, entre ellas, HSVE. Además, en el campo de la Inteligencia Artificial, estas imágenes se utilizan para construir sistemas de segmentación y/o clasificación, sirviendo de gran ayuda para el diagnóstico médico del paciente (Muñoz Garrido, 2022).

C. Red Neuronal Convolutiva

El aprendizaje profundo, también conocido como *Deep Learning*, es un subcampo de la Inteligencia Artificial y del *Machine Learning* que se centra principalmente en desarrollar sistemas predictivos capaces de encontrar patrones complejos y abstractos sobre grandes cantidades de datos utilizando redes neuronales artificiales con múltiples capas. Esto ha llevado al desarrollo de sistemas exitosos dedicados al reconocimiento de imágenes, reconocimiento facial, traducción automática y segmentación de imágenes, entre otras tareas.

En el presente proyecto se ha empleado como arquitectura algorítmica una red neuronal convolucional. Las redes que emplean este tipo de arquitectura aplican operaciones de convolución y de *pooling*, utilizando sus respectivos filtros para detectar patrones en las imágenes a partir de diferentes representaciones de las mismas.

En el ámbito médico, varios estudios, como el realizado por Yayun Xiang junto a otros investigadores (Xiang et al., 2021), han utilizado CNN junto a MRI para extraer características discriminativas con el objetivo de analizar, clasificar e identificar diferentes tipos de encefalitis, entre ellos la herpética simple.

D. Investigaciones recientes relativas al tema del proyecto

Tal y como se comentó en la sección anterior, en el ámbito de la clasificación de encefalitis, destaca el trabajo realizado por Yayun Xiang junto a otros investigadores (Xiang et al., 2021). En dicho trabajo se implementaron varios modelos de *Deep Learning* en los que, mediante el uso de imágenes MRI multisequencia, se logró su identificación y clasificación, obteniendo una exactitud en pruebas de 0.831 sobre las imágenes MRI de encefalitis autoinmune, de 0.882 sobre MRI de encefalitis herpética simple y de 0.892 sobre MRI de sujetos de control sanos.

Otras investigaciones recientes han construido modelos de CNN con el propósito de clasificar imágenes MRI de cerebros humanos según diferentes tipos de tumores cerebrales. Un ejemplo de ello es el estudio realizado por Chetana Srinivas junto a otros investigadores (Srinivas et al., 2022), en el que se emplean modelos pre-entrenados de red convolucional de diferentes arquitecturas, con el objetivo de evaluar su rendimiento en la clasificación binaria de imágenes MRI de cerebros sanos o con tumores. Tras entrenar cada uno de los modelos de CNN, aquellos que proporcionaron un mejor rendimiento

en la clasificación de las MRI fueron Res-Net50 y VGG-16, con valores de exactitud de 0.96 y 0.95 respectivamente. Dados estos resultados tan favorables, el presente trabajo trata de evaluar el rendimiento de estos modelos pre-entrenados, entre otros, sobre el problema de clasificación de imágenes MRI para la detección de la enfermedad rara HSVE.

Sin embargo, se debe tener en cuenta que el rendimiento puede variar dependiendo de los conjuntos de datos utilizados, el problema de clasificación planteado sobre una enfermedad dada, la arquitectura de la red neuronal, los métodos de pre-procesamiento y otros factores. Además, se deberán concebir los sistemas basados en visión por computador como herramientas de apoyo para el diagnóstico realizado por el experto médico, en ningún caso como un sistema para automatizar el diagnóstico del paciente.

III. OBJETIVOS Y METODOLOGÍA

A. Objetivo general

El principal objetivo del proyecto consiste en emplear técnicas de *Deep Learning* aplicadas a la clasificación de imágenes de resonancia magnética del cerebro para la detección de la encefalitis herpética simple. La clasificación consiste en identificar si una imagen MRI es de un cerebro con HSVE o si, por el contrario, es de un cerebro sano. Para alcanzar este objetivo, a continuación se definen un conjunto de objetivos específicos.

B. Objetivos específicos

1. Implementar modelos de CNN capaces de clasificar imágenes MRI del cerebro humano según presente encefalitis herpética simple o no (cerebro sano).
2. Obtener conclusiones del trabajo realizado y proponer posibles líneas de trabajo futuro.

C. Metodología

La metodología empleada para el desarrollo del trabajo consta de las siguientes partes. En primer lugar, se adquiere y se prepara la muestra de datos, la cual está compuesta por un total de 745 de imágenes MRI correspondientes a 2 clases diferentes: secuencias MRI de cerebros enfermos con HSVE y secuencias MRI de cerebros sanos, éstas últimas correspondientes a pacientes que presentaron dolores de cabeza. Concretamente, se han empleado 366 imágenes correspondientes a 10 casos de cerebros con HSVE (Radiopaedia, 2023), obtenidas desde el repositorio público *Radiopaedia* tras aplicar una búsqueda de casos por el nombre “HSV” y cuyos diagnósticos habían finalizado. Por otro lado, también se han empleado 379 imágenes correspondientes a 7 casos de cerebros sanos (Gaillard, 2023), obtenidas a través del listado de casos de cerebros normales, elaborado y recopilado por Frank Gaillard en el repositorio *Radiopaedia*. Una vez han sido obtenidas las imágenes, se procede a su pre-procesamiento, redimensionándolas para que la resolución en todas ellas sea ‘256x256x1’ y normalizándolas para que todos sus píxeles se encuentren en el rango [0, 1].

Resulta importante aclarar que para el desarrollo de este proyecto se ha seguido una metodología incremental, tratando en cada modelo de mejorar los resultados obtenidos en los modelos previos. De este modo, después de realizar cada uno de los experimentos en cada iteración, se ha seleccionado aquel que proporciona valores más altos de exactitud y exhaustividad. Cabe destacar que en todos los modelos implementados se ha empleado el optimizador ‘Adam’ con un *learning rate* de 0.0001. Además, en todos ellos se han definido 2 *callbacks* que permiten detener el entrenamiento del modelo si el valor de pérdida o de exactitud en el conjunto de validación no mejora en 10 *epochs* consecutivas. Por otro lado, los modelos son entrenados a lo largo de un máximo de 30 épocas (*epochs*), especificando en el modelo inicial un tamaño del *mini-batch* de 16 muestras y en los modelos

sucesivos de 8 muestras. Los valores empleados para el número de *epochs*, así como para el tamaño del *mini-batch* en estos modelos son dependientes de las características de hardware que dispone el computador utilizado para la realización del presente trabajo. Sobre un computador con mayores prestaciones se podría probar a incrementar el tamaño del *batch* de 8 a 16 ejemplos, o incluso hasta 32 o 64. A continuación, se describen los detalles y peculiaridades de cada modelo implementado:

1. Iteración 1 de experimentos

Modelo 1: en este primer modelo se ha empleado una CNN construida desde cero. Además, para el entrenamiento del modelo se ha utilizado un tamaño del *mini-batch* de 16 ejemplos. La arquitectura empleada para este modelo está formada, en primer lugar, por una capa de entrada de la red y por 2 bloques de la forma: capa convolucional con función de activación ‘relu’ seguida de una capa de *MaxPooling* con un *stride* de 3. En segundo lugar, se añadió una capa que permite vectorizar los datos bidimensionales, seguida por 2 capas completamente conectadas de 256 y 512 neuronas respectivamente, con funciones de activación ‘relu’. Finalmente, se añadió una capa de salida, también completamente conectada, de 1 sola neurona y con función de activación ‘sigmoid’, al tratarse de un problema de clasificación binaria.

Modelo 2: en este segundo modelo se ha modificado la arquitectura anterior de red convolucional para importar los pesos del modelo pre-entrenado ‘ResNet50’, aplicando así la técnica *Transfer Learning*. Dado que la arquitectura de este modelo presenta un mayor tamaño respecto a la anterior, a partir de este modelo se ha utilizado un tamaño menor del *mini-batch*: 8 ejemplos.

Modelo 3: en este tercer modelo se ha modificado exclusivamente el modelo

pre-entrenado 'ResNet50' por el modelo pre-entrenado 'VGG16'.

Modelo 4: en este cuarto modelo se ha modificado el modelo pre-entrenado anterior por el modelo 'VGG19'.

Modelo 5: en este quinto modelo se ha modificado el modelo pre-entrenado anterior por el modelo 'InceptionV3'.

Modelo 6: en este sexto modelo se ha modificado el modelo pre-entrenado anterior por el modelo 'MobileNet'.

2. Iteración 2 de experimentos

Modelo 7: en este nuevo modelo, se emplea el modelo pre-entrenado 'ResNet50', al tratarse de la única arquitectura que en la iteración 1 superó el valor 0.70 tanto en la exhaustividad como en la exactitud. Sin embargo, se ha utilizado el subconjunto de datos correspondiente a las imágenes MRI capturadas sólo desde el plano AXIAL. Este subconjunto de imágenes está formado por un total de 455 imágenes.

Modelo 8: en este nuevo modelo, se emplea el modelo pre-entrenado 'ResNet50', al igual que en el modelo anterior. Sin embargo, se ha utilizado el subconjunto de datos correspondiente a las imágenes MRI que presentan sólo los formatos FLAIR, T1 y T2 desde el plano AXIAL, descartando aquellas que presenten otros formatos tales como T1C+ o T2C+, o que hayan sido capturadas desde los planos CORONAL y SAGITAL. Este subconjunto de datos está formado por un total de 399 imágenes.

3. Iteración 3 de experimentos

Modelo 9: partiendo del modelo 2, siendo éste el que proporcionó valores de exactitud más altos tanto en la primera como en la segunda iteración, en este nuevo modelo se ha modificado la parte del

clasificador de la arquitectura de la red. Este clasificador ahora está compuesto, además de por la capa que vectoriza la salida del bloque de aprendizaje, por 3 bloques de la forma:

- a) Capa completamente conectada con 256, 128 y 64 neuronas en el primer, segundo y tercer bloque respectivamente.
- b) Capa de *Batch Normalization* después de cada capa completamente conectada.
- c) Función de activación de tipo 'relu' después de la capa de *Batch Normalization*.
- d) Capa de *Dropout* con valores de 0.5, 0.5 y 0.2 después de cada función de activación, desactivando así de manera aleatoria el 50 % o el 20 % de las neuronas de cada capa en cada iteración durante el entrenamiento.

De este modo, se han aplicado las técnicas de regularización *Batch Normalization* y *Dropout* tanto en este noveno modelo como en el décimo y último modelo, permitiendo reducir así el sobreajuste.

Modelo 10: partiendo del modelo anterior, en este último modelo se ha aplicado la técnica de regularización aumento de datos. De este modo, se generan imágenes sintéticas en el conjunto de entrenamiento a partir de las imágenes originales de dicho conjunto.

Tras analizar la naturaleza y características de la distribución de imágenes del conjunto de datos original, se ha observado que todas ellas presentan una pequeña variación de la posición del cerebro sobre los ejes X e Y. Además, dado que no se han encontrado indicios de que la enfermedad HSVE afecte con mayor frecuencia a los lóbulos de un hemisferio respecto al contrario, se ha asumido que es indiferente el hemisferio sobre el que se identifique la enfermedad en cuestión.

Según la descripción realizada por el portal de enfermedades raras Orphanet, la enfermedad afecta de forma asimétrica a los lóbulos frontal y temporal, por lo que no se determina que efecte en un mayor número de casos a un hemisferio respecto al otro (Orphanet, 2015).

En este experimento en concreto, se ha decidido generar 2 nuevas imágenes por cada imagen de entrenamiento, de tal modo que estas imágenes sintéticas son creadas tras la aplicación de combinaciones de las modificaciones especificadas a continuación:

- a) Volteo horizontal de la imagen: al asumir que resulta indiferente el hemisferio sobre el que haya afectado la enfermedad al paciente.
- b) Desplazamiento de la imagen en los ejes X e Y de hasta 9 píxeles hacia la izquierda/derecha o arriba/abajo.

De este modo, se logra generar imágenes donde el cerebro queda desplazado como máximo 9 píxeles hacia izquierda o hacia la derecha, y hacia arriba o hacia abajo, y donde se encuentra posicionado desde el lado derecho o izquierdo (volteo horizontal de la imagen). De esta forma, se logra entrenar un modelo más robusto capaz de detectar patrones más generales sobre una mayor cantidad de imágenes.

En la figura 2 se muestra 1 de las 2 nuevas imágenes generadas a partir de una imagen MRI con formato T2 y capturada desde el plano AXIAL de un cerebro con HSVE del conjunto de entrenamiento. Se puede apreciar cómo la imagen sintética 1 se ha generado tras aplicar un leve desplazamiento de la imagen original sobre el eje X e Y. Además, se aprecia la aplicación del volteo sobre el eje horizontal de la imagen original.

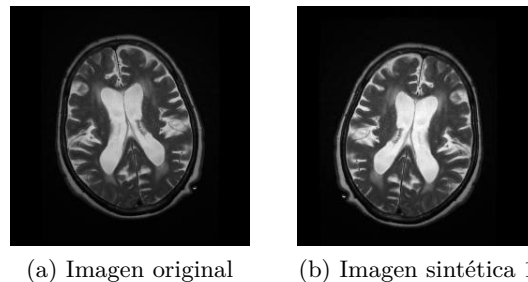


Figura 2: Imagen original e imagen sintética generada con aumento de datos

Tras generar las nuevas imágenes sintéticas con aumento de datos, la distribución de imágenes a lo largo de los 3 diferentes conjuntos es la siguiente:

1. Conjunto de entrenamiento: formado por 1083 imágenes (74 % del total).
2. Conjunto de validación: formado por 161 imágenes (11 % del total).
3. Conjunto de pruebas: formado por 223 imágenes (15 % del total).

IV. CONTRIBUCIÓN

El trabajo realizado ofrece una comparativa de diferentes soluciones de inteligencia artificial basadas en *Deep Learning* para la clasificación de imágenes MRI de cerebros humanos según se encuentren sanos o presenten la enfermedad HSVE. Además, se sientan las bases para el desarrollo de un sistema de visión artificial que permita identificar, en base a una imagen MRI del cerebro, si un paciente presenta encefalitis herpética o no, sirviendo este sistema de apoyo para el diagnóstico médico del paciente.

V. RESULTADOS

A continuación, se describen los resultados obtenidos en cada uno de los modelos implementados en cada iteración.

A. Iteración 1

Tal y como se puede apreciar en la tabla 1, el modelo de la primera iteración que proporciona el valor de exactitud más alto sobre el conjunto de pruebas es el segundo modelo, con un valor de 0.7175. Por otro lado, el modelo que proporciona un valor de exhaustividad más alto es el primero, con un valor de 0.7983.

Modelo	Exactitud test	Exhaustividad
1	0.6233	0.7983
2	0.7175	0.7479
3	0.6547	0.7479
4	0.5336	0.6555
5	0.6143	0.5378
6	0.6457	0.7815

Tabla 1: Resultados de la iteración 1

B. Iteración 2

Tal y como se observa en la tabla 2, los 2 nuevos modelos implementados en la segunda iteración proporcionan valores de exhaustividad y exactitud en pruebas más bajos con respecto a los obtenidos en el segundo modelo de la primera iteración. De este modo, se obtienen los valores 0.575 y 0.5104 de exactitud en el séptimo y octavo modelo respectivamente.

Modelo	Exactitud test	Exhaustividad
2	0.7175	0.7479
7	0.575	0.6333
8	0.5104	0.5

Tabla 2: Resultados de la iteración 2

C. Iteración 3

Tal y como se puede apreciar en la tabla 3, el décimo modelo, implementado en la tercera iteración y que aplica las cuatro técnicas de regularización, es el que proporciona el valor más alto de exactitud en pruebas, con un valor de 0.8295. Si se atiende a la exhaustividad, el décimo modelo también es el que proporciona el valor más alto: 0.7731.

Modelo	Exactitud test	Exhaustividad
9	0.7399	0.7395
10	0.8295	0.7731

Tabla 3: Resultados de la iteración 3

VI. DISCUSIÓN O ANÁLISIS DE RESULTADOS

A. Iteración 1

Tras analizar los resultados de esta iteración, se aprecia cómo el segundo modelo clasifica correctamente el mayor número de imágenes del conjunto de pruebas (el 71.75 % de dichas imágenes) entre los 6 modelos de esta iteración. Por otro lado, aunque el segundo modelo no es el que presenta el valor más alto de exhaustividad, se ha seleccionado éste debido a que es el único que supera el valor 0.70 tanto en exhaustividad como en exactitud en pruebas.

B. Iteración 2

Debido a que cada modelo de la segunda iteración ha empleado un subconjunto diferente del conjunto original de imágenes, en la tabla 2 se puede apreciar la capacidad predictiva del modelo pre-entrenado 'ResNet50' sobre los diferentes subconjuntos de imágenes utilizados. Se observa cómo el segundo modelo, que emplea la totalidad de las imágenes del conjunto de datos original (745), proporciona el valor más alto en la exactitud en pruebas, a diferencia del séptimo y octavo modelo que obtienen valores más bajos de exactitud al utilizar exclusivamente imágenes desde el plano AXIAL. Además, el segundo modelo presenta un valor más alto de exhaustividad, en comparación con el obtenido en el séptimo y octavo modelo.

C. Iteración 3

Por último, tal y como se puede observar en la tabla 3, el décimo modelo logra alcanzar un valor de exactitud en pruebas de 0.8295, siendo así capaz de clasificar correctamente el 82.95 %

de las imágenes de pruebas. Además, proporciona una exhaustividad de 0.7731, logrando así minimizar aún más el número de falsos negativos tras evaluar el modelo.

VII. CONCLUSIONES

A. Conclusiones

Después de entrenar, evaluar y analizar cada uno de los modelos implementados de carácter experimental, se determina que el problema de clasificación se resuelve con resultados satisfactorios, alcanzando el último modelo de la tercera iteración una exhaustividad de 0.7731 y una exactitud en pruebas de 0.8295. De esta forma, el modelo final logra clasificar correctamente el 82.95 % de las imágenes de secuencias *MRI* del conjunto de pruebas en sus 2 respectivas clases.

B. Líneas de trabajos futuros

Para mejorar los resultados obtenidos en el problema de clasificación, se propone realizar en el futuro alguna de las siguientes tareas:

1. Adquirir más imágenes de secuencias *MRI* pertenecientes a nuevos casos de HSVE u otras enfermedades diagnosticados por expertos. Entrenar estos modelos empleando las arquitecturas de este proyecto u otras más grandes, en caso de que se disponga de mayor capacidad de cómputo.
2. Con la ayuda de un experto en el ámbito médico, analizar e investigar las posibles causas por las que el modelo final implementado en el presente trabajo clasifica incorrectamente ciertas imágenes.
3. Probar a entrenar modelos de CNN que soporten ejemplos formados por varias imágenes de secuencias *MRI* del mismo caso para dotar a la red de mayor información del cerebro en cada ejemplo, permitiéndole discriminar mejor si éste presenta la enfermedad o no.

Referencias

- Gaillard, F. (2023). *Normal brain imaging examples*. radiopaedia.org [data set]. <https://radiopaedia.org/articles/normal-brain-imaging-examples-1?lang=us>. [Accessed 14-May-2023].
- He, K., Zhang, X., Ren, S., and Sun, J. (2015). Deep residual learning for image recognition.
- MayoClinic (2023). *Encefalitis - Síntomas y causas - Mayo Clinic*. <https://www.mayoclinic.org/es-es/diseases-conditions/encephalitis/symptoms-causes/syc-20356136>.
- Muñoz Garrido, J. (2022). *Neurociencia Cognitiva. Tema 4: Técnicas de estudio del sistema nervioso [Material del aula]. Texto académico del máster. Universidad Internacional de La Rioja (UNIR)*.
- Orphanet (2015). *Encefalitis por el virus del herpes simple*. <https://t.ly/BeWi9>.
- Radiopaedia (2023). *HSV Cases search*. radiopaedia.org [data set]. https://radiopaedia.org/search?diagnostic_certainty=confirmed_substantiated&lang=us&modality=MRI&page=1&q=HSV&scope=cases&sort=completeness.
- Srinivas, C., Prasad, N., Zakariah, M., Alothai, Y. A., Shaukat, K., Partibane, B., and Awal, H. (2022). Deep transfer learning approaches in performance analysis of brain tumor classification using mri images.
- WHO (2023). *Herpes Simplex Virus*. the world health organization. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/herpes-simplex-virus>. [Accessed 29-Apr-2023].
- Xiang, Y., Zeng, C., Liu, B., Tan, W., Wu, J., Hu, X., Han, Y., Luo, Q., Gong, J., Liu, J., and Li, Y. (2021). *Deep Learning-Enabled Identification of Autoimmune Encephalitis on 3D Multi-Sequence MRI*. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34478565/>.