

طیف نحی ناز ناطیسی هسته

فاطمه درستی^۱(M.Sc)، زهراء نگنه^۱(M.Sc)، رقیه میرزا زاده^۱(Ph.D)، زهراء مانی^۱(Ph.D)، محمد ارجمند^{۱*}(Ph.D)، صدیقه صادقی^۱(Ph.D)

- ۱- گروه بیوشیمی، انتستیتو باستور تهران، تهران، ایران
 - ۲- گروه بیوشیمی، دانشگاه پیام نور تهران، تهران، ایزان

جکیده

۱۰- هدف: بیهودگاری فنیل، نوری یکی از بیهودگاری‌های ابولیسمی: بتا شایع، همان میانه، کشور ما نیز به دلیل اوج‌های خامیلی، شیوع الائی، در است. شیوع این بیهودگاری در آن دود ۴۰۰۰:۱:۸۰۰۰ لایه، در هر ۱۰۰۰ کیلومتری از این بیهودگاری میانه، عقب‌اندگی‌های هنری، توانی‌های سمعی، عصبی از ۱۰۰۰ موارض بالینی این بیهودگاری میانه، جمیعت جلوگیری از روز این ۱۰۰۰م با لینی شخیص وقوع این بیهودگاری سیار مائز اهمیت از این حقیقت، از آن‌جا، شبکه عصبی ندلایه بترون (MLP) از این مدلی اسباب ای، شخیص پریمیو داران فنیل، نوری، اف ام، کی، که در ممان به موقع این همه از داران است.

روش‌ها: در این تحقیق، اداره ارائه اسناد ایران (NOESY) برای مطالعه کمک به کمک هم‌ریختی (NMR400) تگاه NMR400 گام تزریق طیف منجی انجام شد. سپس پیک هر متابولات حرفه ای انسانی در دیده اراده‌های اول از این طیف منجی به سیله عصبی (MLP) مدل بازی استهندی داده شد. آزمایش ارق افتندگی را نشان می‌دهد.

افته‌ها: ۱۰۰ طراحی^{۱۰۰} در این^{۱۰۰} انسنت با موفقیت بیش^{۱۰۰٪} ادهای^{۱۰۰} مل از طوف^{۱۰۰} نجی^{۱۰۰}. NMR^{۱۰۰} و سالم و بیمار^{۱۰۰} درت پیش‌بینی^{۱۰۰} هم تشخیص^{۱۰۰} دسته‌ندی^{۱۰۰} ماید.^{۱۰۰} بجه^{۱۰۰} ری^{۱۰۰}: نتایج^{۱۰۰} آمده تأیید^{۱۰۰} توانمندی^{۱۰۰} ت بالای^{۱۰۰} ش طیف^{۱۰۰} نجی^{۱۰۰} NMR^{۱۰۰} راه مدل^{۱۰۰} سازی^{۱۰۰} عصبی^{۱۰۰} زمینه^{۱۰۰} تشخیص^{۱۰۰} ناسائی^{۱۰۰} بیماری فنیل^{۱۰۰} نوری^{۱۰۰} می^{۱۰۰} شد.

از همان سلیمانی: فنیل^۱؛ نوری، ^۲ بکهای صبی، ^۳ اندیل، ^۴ اندیش تشدید مغناطیسی

مقدمة

بیماری فنیل کتونوری یکی از بیماری های متابولیسمی شایع در جهان می باشد [۱] که به علت کمبود یا اختلال در عمل کرد آنزیم فنیل آلانین هیدروکسیلاز در کبد، سبب بروز آسیب های مغزی غیر قابل برگشت در بیماران فنیل کتونوری می گردد [۲]. شیوع این بیماری در کشورهای مختلف از

بیماری‌های متابولیسمی از جمله فنیل‌کتونوری می‌باشد [۳]. در تحقیق پیش‌رو، برخلاف روش‌های تشخیصی مرسوم که از نمونه سرمی استفاده می‌کنند از نمونه‌های ادرار نوزادان استفاده شد و به دلیل غیر تهاجمی بودن و امکان نمونه‌گیری آسان و راحت، بیشتر مورد رضایت و رغبت والدین گروه هدف قرار گرفت. در این مطالعه از روش شبکه عصبی پرسپترون چند لایه (Multi-layer perceptron neural networking) (MLP) جهت مدل‌سازی و افتراق کودکان مبتلا به فنیل‌کتونوری از کودکان سالم و هم‌چنین تهیه یک مدل مناسب جهت پیش‌آگاهی این بیماری در افراد استفاده گردید.

مواد و روش‌ها

تمام مواد شیمیابی مورد استفاده در این مطالعه از شرکت سیگما و مرک تهیه گردید و آب سنگین دوتربیوم (D_2O) از سازمان انرژی اتمی ایران تهیه شد.

نمونه‌های آزمایش نمونه‌های ادرار (سالم و بیمار) مورد مطالعه در این بررسی از کودکان رده سنی ۲-۳ ساله جمع‌آوری گردید و در دمای ۷۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. از ۵۵ کودک مبتلا به بیماری فنیل‌کتونوری که به کلینیک مرکز تحقیقاتی انتیتوپاستور ایران در تهران مراجعه نمودند، نمونه‌های ادرار جمع‌آوری گردید. بیماری این کودکان قبل از طریق روش کراماتوگرافی مایع با کارایی بالا (HPLC) مورد تایید قرار گرفته بود. ۲۵ نمونه ادرار کودکان سالم از همان رده سنی و هم جنس و با رضایت والدین آن‌ها جمع‌آوری گردید.

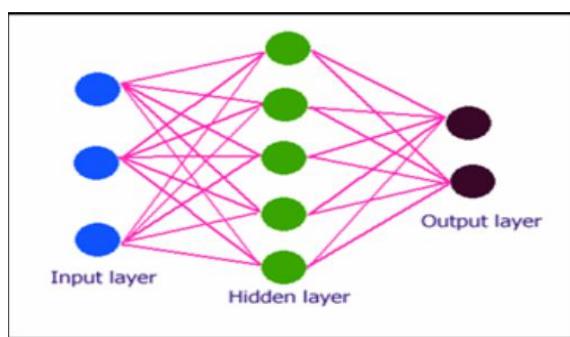
اصل آماده بازی زینه‌ها جهت انجام طیف سنجی ۴۰۰ میکرولیتر از نمونه‌های ادرار را با ۱۰۰ میکرولیتر محلول یک میلی‌مولار تری‌متیل سایلیل ۲، ۳، ۲- تترا دوتربی‌پیونیک اسید (TSP) در آب دوتره مخلوط نمودیم. محلول TSP به عنوان شاهد در طیف سنجی و آب سنگین دوتربیوم به عنوان حلال می‌باشد. قبل از آنالیز، pH تمام نمونه‌ها، مورد اندازه‌گیری قرار گرفت. نمونه‌های ادرار به وسیله دستگاه اسپکترومتر رزونانس مغناطیسی هسته (۴۰۰ NMR) مگاهرتز

این احتمال بالاتر است) احتمال تولد نوزاد مبتلا به بیماری افزایش می‌یابد [۵]. تشخیص زودهنگام و به موقع این بیماری) قبل از دو ماہگی یا حداقل سه ماهگی (جهت جلوگیری از بروز علائم بالینی شدید و غیر قابل جبران و یا کاهش این علائم به وسیله رژیم‌های درمانی خاص بسیار حائز اهمیت است [۲].

در حال حاضر در ایران تشخیص این بیماری از طریق سنجش میزان غلظت فنیل‌آلانین در خون بیماران با استفاده از روش‌های گاتری و کراماتوگرافی مایع با کارایی بالا (HPLC) انجام می‌گیرد [۲]. بر اساس گزارش‌ها نتایج حاصل از روش گاتری به دلیل وجود خطاهای مثبت و منفی کاذب بالا به تنها بی قابل قبول نبوده و باستی این نتایج با یک روش تشخیصی مکمل نیز تایید گردد که معمولاً از روش کراماتوگرافی مایع با کارایی بالا استفاده می‌گردد [۶].

در سال‌های اخیر از روش‌های پیشرفته اسپکترومتری جرمی، کراماتوگرافی گازی- اسپکترومتری جرمی (GC-MASS)، کراماتوگرافی مایع- اسپکترومتری جرمی (HPLC-MASS) و تکنیک طیف سنجی تشدید مغناطیسی هسته‌ای (NMR) جهت غربالگری بیماری‌های متابولیکی استفاده می‌گردد [۳]. از بین روش‌های معرفی شده اسپکترومتری جرمی و طیف سنجی NMR روش‌های متداول‌تری بوده و بیشتر مورد استفاده قرار می‌گیرند [۷، ۸]. هر چند روش طیف سنجی NMR در مقایسه با سایر روش‌های پیشرفته انتخابی نبوده و از نظر اقتصادی، مقرن به صرفه‌تر و در نتیجه سهل الوصول‌تر می‌باشد [۸، ۹]. از اواخر سال ۱۹۸۰ میلادی با شناسایی قابلیت‌های بالای شبکه‌های عصبی مصنوعی از جمله تشخیص، شناسایی و امکان پیش‌بینی هم‌زمان بیماری‌ها و طبقه‌بندی انواع داده‌ها، کاربرد این شبکه‌ها در زمینه‌های پزشکی مورد توجه بسیاری از محققین قرار گرفته است [۱۰-۱۳]. نتایج مطالعه‌ای که در سال ۲۰۱۴ جهت شناسایی انواع بیماری‌های متابولیسمی انجام گرفت نشان می‌دهد که روش NMR دارای توانمندی‌ها و قابلیت‌های بالایی در زمینه شناسایی سریع و آسان

عادی یک شبکه عصبی مصنوعی، متشکل از لایه ورودی، لایه‌های میانی یا پنهان و لایه خروجی است (شکل ۱). لایه ورودی اطلاعات را دریافت کرده و به لایه میانی انتقال می‌دهد. لایه میانی از یک سری نرون‌های پردازشگر تشکیل شده که محل پردازش داده‌ها است و لایه خروجی شامل مقادیر پیش‌بینی شده به وسیله شبکه می‌باشد و خروجی‌های مدل را معرفی می‌نماید. تعداد لایه‌ها و نرون‌ها در هر لایه میانی به طور معمول به وسیله روش آزمون و خطأ مشخص می‌گردد [۱۶]. یکی از مرسوم‌ترین انواع شبکه‌های عصبی، شبکه عصبی چندلایه پرسپترون (MLP) می‌باشد که به طور موافقی آمیزی در طبقه‌بندی داده‌ها در پزشکی مورد استفاده قرار می‌گیرد. این شبکه‌های عصبی توانایی آموزش و یادگیری دارند. آموزش شبکه‌های عصبی در واقع تنظیم وزن‌های ارتباطی این نرون‌ها به ازاء دریافت مثال‌های مختلف می‌باشد تا خروجی‌های شبکه به سمت خروجی‌های مطلوب همگرا شود. پس از آموزش شبکه، بر روی داده‌ها تست صحت (validation) انجام می‌گیرد، یعنی قابلیت شبکه در ارائه خروجی‌های قابل قبول به ازای ورودی‌هایی که در آموزش شبکه شرکت نداشته‌اند سنجیده می‌شود. معمولاً داده‌ها را تا جایی آموزش می‌دهند که خطأ بر روی داده‌ها به کمترین مقدار برسد و به محض افزایش مقدار خطأ، آموزش را قطع می‌کنند [۱۱].



شکل ۱. شبکه عصبی با ساختار سه لایه و ورودی ۸۰ نمونه سالم و بیمار-لایه پنهان ۱۰ نرون و خروجی بیمار و سالم

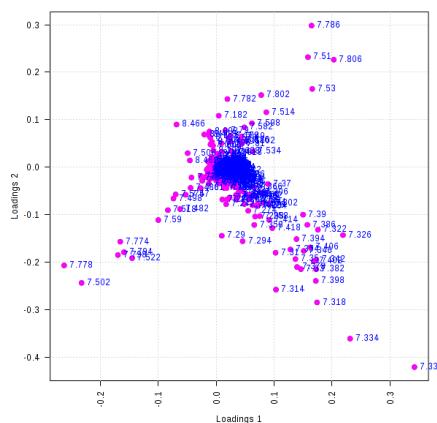
بروکر به کمک پروتکل نویزی (NOESY) طیف سنجی شدند. نمونه‌ها در دمای ۲۹۵ درجه کلوین با تعداد ۱۵۰ اسکن برای هر نمونه و با مدت زمان تاخیری ۶,۵ ثانیه مورد طیف سنجی قرار گرفتند [۱۴]. شدت پیک موجود در جایه‌جایی شیمیایی ۳,۱۳ (پیک مربوط به متabolit کراتینین) به عنوان غلظت مرجع در نظر گرفته شده و غلظت متabolit‌های دیگر بر اساس هر میلی‌مول از کراتینین بیان گردیدند.

تبديل داده‌ها با استفاده از کد محاسباتی پرمتب (ProMetab V.1.1)، طیف‌های خام به دست آمده از طیف سنجی NMR به فرمت عددی مناسب، جهت آنالیزهای چندمتغیره تبدیل گردیدند [۱۵]. پرمتب ابزاری جهت آنالیز داده‌های حاصل از طیف سنجی NMR می‌باشد که در محیط نرم‌افزار متلب Matlab V. ۲۰۰۹ مورد استفاده قرار می‌گیرد. با استفاده از این کد محاسباتی طیف‌های NMR در جایه‌جایی‌های شیمیایی بین صفر تا ۱۰ ppm به فواصل ۷/۴ ppm تقسیم شدند. پیک رزونانس آب در محل ۰/۰۰۵ حذف گردید.

آ: مون آماری ۱۰۰ داده‌ها جهت بررسی و مقایسه آماری داده‌ها، از روش آنالیز اجزای اصلی (Principle component analysis) و همچنین شبکه عصبی با ساختار پرسپترون چند لایه استفاده گردید. در ابتدا داده‌های به دست آمده بر اساس متند پارتون (Pareto method) نرمالیزه شده و سپس با روش آنالیز اجزای اصلی مورد بررسی قرار گرفت. روش آنالیز اجزای اصلی جهت خوشبندی داده‌ها و همچنین تعیین متabolit‌های متفاوت در دو گروه مورد استفاده قرار گرفته است. پیک‌های موجود در جایه‌جایی‌های شیمیایی بین ۶-۹ ppm که همگی ترکیبات آروماتیک می‌باشند مورد مطالعه قرار گرفتند.

شبکه عصبی ۱۰ نوعی شبکه‌های عصبی مصنوعی بر اساس ساختار و عملکرد شبکه عصبی موجودات زنده طراحی شده‌اند. طرز کار این شبکه‌ها از روش کار مغز انسان الگوبرداری شده است. این شبکه‌ها از یک سری لایه تشکیل شده‌اند که شامل اجزای ساده‌ای به نام نرون است. ساختار

جایه جایی های شیمیابی متابولیت های متمایز در دو گروه سالم و کودکان بیمار از هم جدا سازی و دسته بندی شدند (شکل ۳).



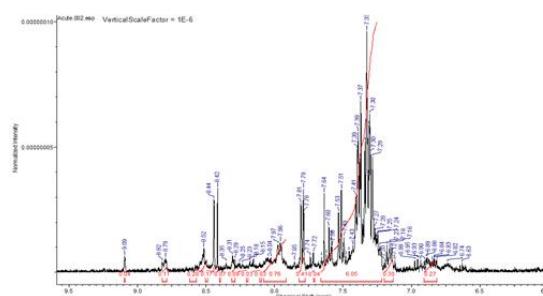
شکل ۳. گراف جداسازی متابولیت‌ها ی متغیر در دو گروه سالم و بیمار براساس تست آنالیز اجزای اصلی . محور X لودینگ ۱ و محور Y لودینگ ۲ می باشد . اعداد داخل گراف نماینگر جایگاهی شیمیائی متابولیت‌ها می باشند.

نتایج - ام ۱: شبکه عصبی مسنوعی در این بررسی به منظور طراحی مدل شبکه عصبی در مرحله‌ی آموزش از ۵۶ نمونه (۱۷ نمونه کنترل و ۳۹ نمونه بیمار) استفاده و مدل‌سازی انجام گرفت و نرخ خطای مدل طراحی شده برابر با 0.00% بود. در مرحله دوم به منظور انجام تست صحت شبکه بر روی مدل طراحی شده از نمونه‌های باقی‌مانده ۲۴ نمونه (۱۶ بیمار و ۸ نمونه کنترل) که قبلاً بیمار یا نرمال بودن آن‌ها با تست‌های تشخیصی HPLC ارزیابی شده بودند، استفاده گردید. مشاهده شد که مدل طراحی شده در این مطالعه توانست از ۸ نمونه کودک سالم، ۶ نمونه را به عنوان سالم و ۲ نمونه را به عنوان بیمار معرفی نماید. همچنین از ۱۶ نمونه کودکان بیمار، هر ۱۶ نمونه به طور صحیح، بیمار شناسایی گردیدند. نرخ خطای مدل شبکه عصبی طراحی شده در نهایت برابر با 0.02% می‌باشد. نتایج حاصل از این مدل‌سازی در جدول ۱ و نشان داده شده است.

در این مطالعه از روش شبکه عصبی چندلایه پرسپترون جهت دسته‌بندی داده‌های آموزش داده شده که همان پیک‌های بهدست آمده در جابه‌جایی‌های شیمیایی ($6\text{--}9 \text{ ppm}$) می‌باشند استفاده شد. جهت آموزش شبکه عصبی، از 80 متغیر ورودی (تعداد نمونه کودکان سالم و بیمار)، 10 نرون لایه میانی پنهان و 2 متغیر خروجی استفاده شده است و فرآیند آموزش به میزان صد بار تکرار گردید. به طور کلی در مرحله آموزش و 39 مدل‌سازی از 70% نمونه که شامل 17 نمونه کنترل و 30% باقی‌مانده نمونه‌ها، که شامل 16 بیمار و 8 نمونه کنترل بود مدل ساخته شده مورد تست صحت و ارزیابی قرار گرفت.

نتائج

نتایج به آمده با ش طیف نجی تشدید هناظطیس هسته ای (**HNMR**)^۱ نتایج به دست آمده از طیف سنجی نمونه های ادرار کودکان بیمار با استفاده از روش **HNMR**^۱ در شکل (۲) نشان داده شده است. مقایسه طیف های نمونه های کودکان بیمار با نمونه های کودکان سالم، تفاوت هایی را در جابه جایی های شیمیایی ppm ۶-۹ (ترکیبات با ساختار آروماتیک) نشان دادند و متابولیت فنیل آلانین به عنوان ۷,۳۳ بیومارکر بیماری فنیل کتونوری در جابه جایی شیمیایی نمایان گردید.



شکل ۲. طیف NMR بیمارفل کتونوری با جابجایی شیمیایی بین ppm

نتایج آنالیز اجزای اصلی (PCA) داده‌های حاصل از طیف سنجی، مورد آنالیز اجزای اصلی قرار گرفت و

غلظت اسید آمینه فنیل‌آلانین در خون افراد مبتلا به این بیماری به عنوان بیومارکر اصلی در شناسایی افراد بیمار معرفی گردیده است [۲۰]. سنجش میزان غلظت فنیل‌آلانین در خون بیماران فنیل‌کتونوری با استفاده از روش کیت‌گاتری به عنوان ساده‌ترین روش تشخیصی می‌باشد [۲۱، ۲۲]. اما بر اساس گزارش‌ها نتایج این روش به دلیل داشتن خطاهای مثبت و منفی کاذب به تنها‌یی قابل قبول نمی‌باشند. مطالعه‌ای که در سال ۱۹۶۶ توسط چارلز و همکاران بر روی این بیماری انجام گرفت، نشان می‌دهد که نتایج حاصل از کیت‌گاتری دارای خطاهای مثبت و منفی کاذب بوده و نمی‌تواند به تنها‌یی قابل قبول باشند [۲۳] و بایستی نتایج آن با یک روش تشخیصی دیگری نیز تایید گردد که معمولاً روش HPLC مورد استفاده قرار می‌گیرد [۶]. بنابرین پروسه تشخیص این بیماری طولانی و زمانبر است.

در سال‌های اخیر در کشورهای پیش‌رفته، بررسی متabolیکی مایعات زیستی بدن با استفاده از روش‌های تشخیصی نوین متabolومیکس به عنوان یک ابزار تشخیصی مهم در بسیاری از بیماری‌ها به کاربرده می‌شود. با شناسایی قابلیت‌ها و توانمندی‌های تکنیک طیف سنجی NMR در زمینه تشخیص و شناسایی انواع بیماری‌های متabolیسمی، ماهیت غیر تهاجمی آن و هم‌چنین امکان تکاری‌ذیری آزمایش‌ها و استفاده مجدد از نمونه‌ها، این تکنیک را به عنوان یکی از روش‌های نوین و پیشرفته جهت مطالعه بیماری فنیل‌کتونوری معرفی کرده است [۲۴-۲۶]. اما تابه حال در ایران از این روش تشخیصی جدید در زمینه شناسایی بیماری‌های متabolیسمی استفاده نشده است. ما در این مطالعه برای نخستین بار از روش طیف سنجی NMR، جهت استخراج متabolیت‌های غیر نرمال موجود در نمونه‌های ادرار بیماران و تشخیص سریع‌تر و دقیق‌تر این بیماری استفاده نموده‌ایم. در این تحقیق، برخلاف روش‌های تشخیصی متداول از نمونه‌های ادرار بیماران فنیل‌کتونوری جهت بررسی پروفایل متabolیکی آن‌ها استفاده شده است. ادرار یک منبع غنی از متabolیت‌هاست که به عنوان نمونه زیستی بسیار متداول در

جدول ۱. مدل شبکه عصبی در تشخیص بیماری فنیل‌کتونوری

مدل سازی شبکه عصبی (Classifier Performance)					
نرخ خطأ ^۱			۰/۰۰۰		
میزان تخمین ^۲			ماتریس در هم ریختگی ^۳		
جمع	بیمار	سالم	سالم	بیمار	بیمار
۵۶	۳۹	۱۷	۰	۳۹	۱۷
۳۹	۳۹	۱۷	۰	۰	۱۷
۱۷	۱۷	۱۷	۰	۰	۱۷
۵۶	۳۹	۱۷	۱۷	۰	۰

مدل ساخته شده با ۷۰٪ نمونه کودکان سالم و بیمار

1-Error rate. 2- Values Prediction. 3- Confusion matrix. 4- Recall. 5- Precision.

جدول ۲. تست و ارزیابی عملکرد مدل شبکه عصبی در تشخیص بیماری فنیل‌کتونوری

تست شبکه (Validation Test)					
نرخ خطأ ^۱			۰/۲۰۰۰		
میزان تخمین ^۲			ماتریس در هم ریختگی ^۳		
جمع	بیمار	سالم	سالم	بیمار	بیمار
۸	۲	۶	۰/۳۳۳	۰/۰۰۰	۰/۳۳۳
۱۶	۱۶	۰	۰/۰۰۰	۰/۲۲۲	۰/۰۰۰
۲۴	۱۸	۶	۶	۱۸	۲۴

آزمون اعتبار سنجی و ارزیابی مدل شبکه عصبی با ۳۰٪ نمونه کودکان سالم و بیمار

1-Error rate. 2- Values Prediction. 3- Confusion matrix. 4- Recall. 5- Precision.

بحث و نتیجه‌گیری

بیماری فنیل‌کتونوری یکی از بیماری‌های ژنتیکی شایعی است که هنوز درمان کامل و قطعی برای آن یافت نشده است. اما پیشگیری و کاهش بروز علائم بالینی شدید این بیماری در صورت تشخیص به موقع امکان‌بزیر است [۱۷]. تشخیص سریع، به موقع و با کمترین درصد خطأ در این بیماری همواره به عنوان یکی از دغدغه‌های پزشکان و بیماران می‌باشد. در سال‌های اخیر در کشورهای پیشرفته غرب‌الگری نوزادان، جهت بیماری‌های متabolیکی شدید به طور گسترده انجام می‌گیرد [۱۸، ۱۹].

در مطالعاتی که تاکنون با استفاده از روش‌های مختلف بر روی بیماری فنیل‌کتونوری انجام گرفته است، میزان افزایش

تاکنون مطالعات مشابه بسیاری همسو با تحقیق پیش رو بر روی بیماری فنیل کتونوری انجام گرفته است از جمله: در سال ۲۰۰۵ ماریا کنستانتنینو (Maria A. Constantinou) و همکارانش از روش H-NMR، برای تشخیص بیماری های متابولیسمی در نمونه های ادرار استفاده کردند. طیف های به دست آمده از نمونه های ادرار ۴۷ کودک سالم و ۹ کودک مبتلا به فنیل کتونوری را بررسی نموده و با مقایسه آنها تفاوت هایی را در غلظت فنیل آلانین و متابولیت های دیگر از جمله اسید آمینه های شاخه دار (والین، لوسین و ایزولوسین) به دست آوردند [۸] که مورد تائید این تحقیق نیز قرار گرفت.

در سال ۲۰۰۶ زنگ پن (Zheng Pan) و همکارانش در مطالعه ای با استفاده از NMR و اسپکتروسکوپی جرمی نمونه های ادرار بیماران متابولیسمی از جمله فنیل کتونوری را بررسی کردند. در این مطالعه اسید آمینه های فنیل آلانین، سیترات، آلانین و دو ترکیب دیگر غیر نرمال در نمونه های ادرار بیماران فنیل کتونوری مشخص گردید [۲۹]. در جدیدترین تحقیقی که در سال ۲۰۱۴ توسط سلدا بلبل (Selda Bülbül) انجام گرفت، از نمونه های ادرار ۹۸۶ نوزاد مبتلا به بیماری های متابولیسمی مادرزادی از جمله بیماری فنیل کتونوری طیف NMR تهیه گردید. نتایج مطالعه این محقق نشان داد که این تکنیک به عنوان یکی از روش های نوین و پیشرفته دارای قابلیت ها و توانمندی های بسیار بالایی در شناسایی دقیق تر و سریع تر بسیاری از بیماری های متابولیسمی از جمله بیماری فنیل کتونوری می باشد [۳].

تمایز تحقیق پیش رو با مطالعاتی که تاکنون انجام گرفته، در این است که ما در این مطالعه علاوه بر استفاده از روش نوین طیف سنجی NMR جهت تشخیص بیماران فنیل کتونوری از روش هوشمند شبکه عصبی پر سپترون چند لایه (MLP) جهت مدل سازی نتایج حاصل از مقایسه آنالیز نمونه های کودکان بیمار و سالم استفاده نموده ایم و در نهایت یک مدل مناسب جهت پیش بینی این بیماری ارائه کردہ ایم (جدول ۲). در انجام این مدل سازی علاوه بر بیومارکر تشخیصی فنیل کتونوری (متabolit در جابه جایی های شیمیایی ppm

متabolomیکس در تشخیص بیماری های مختلف استفاده می شود [۱۷، ۹]. تغییرات غلظت متابولیت ها در مقایسه با بروتین ها و ژنوم به آسانی آشکار شده [۲۷] و در نتیجه شناسایی متابولیت های غیر نرمال در نمونه های مورد بررسی راحت تر و سریع تر انجام می گیرد. با توجه به گروه هدف مورد بررسی (کودکان) به دلیل ماهیت غیر تهاجمی این روش تشخیصی، هیچ آسیبی به بیماران نمی رسد، در نتیجه این روش تشخیصی بیش تر مورد رضایت بیماران و والدین آنها می باشد. نتایج به دست آمده از تحقیق پیش رو نشان می دهد که غلظت اسید آمینه فنیل آلانین به عنوان بیومارکر تشخیصی بیماری فنیل کتونوری در طیف های نمونه های ادرار این بیماران در جابه جایی ۱۳/۷ ppm افزایش چشمگیری در مقایسه با نمونه های افراد سالم دارند (شکل ۲)، علاوه بر افزایش غلظت فنیل آلانین متابولیت های غیر نرمال دیگری نیز در نمونه ادرار بیماران شناسایی شدند که با روش های تشخیصی متداول این متابولیت های غیر نرمال دارای ساختار های آروماتیک می باشند که در طیف های حاصل از طیف سنجی NMR در جابه جایی های شیمیایی ۶-۹ ppm شناسایی و تشخیص داده شدند. با مقایسه آنالیز طیف های دو گروه سالم و بیمار با تست PCA (این متابولیت های غیر نرمال جداسازی و دسته بندی گردیدند (شکل ۳). با بررسی های دقیق تر و بیش تر این متابولیت های غیر نرمال، امکان دستیابی به بیومارکرهای تشخیصی جدید بیماری فنیل کتونوری وجود دارد. در مطالعه ای که در سال ۲۰۱۲ توسط ژیانگو (Xianguo Xia) و همکارانش صورت گرفت، نشان داده شد که روش های آنالیز اجزای اصلی و حداقل مربعات جزئی (به طور روتین در تحقیقات متابولومیکس استفاده می شوند) به همراه آنالیز منحنی های ROC (که یک روش استاندارد برای توضیح و انجام تست های پزشکی می باشد) امکان تعیین بیومارکرها را فراهم می آورند. هم چنین مشخص گردیده که روش های متابولومیکس به انضمام آنالیز های چند متغیره منجر به کشف بیومارکرهای چندگانه خواهد شد [۲۸].

- [2] Farhud D, Shalileh M. Phenylketonuria and its dietary therapy in children. 2009.
- [3] Bülbül S. Novel approach for newborn errors in metabolism screening (NEMS) by NMR: Clinical NEMS-by-NMR Study in Turkey. *Clin Biochem* 2014; 9: 700-701.
- [4] Mokhtari R, Bagga A. Consanguinity, genetic disorders and malformations in the Iranian population. *Acta Biologica Szegediensis* 2003; 47: 47-50.
- [5] Rao AN, Kavitha J, Koch M, Kumar VS. Inborn errors of metabolism: Review and data from a tertiary care center. *Indian J Clin Biochem* 2009; 24: 215-222.
- [6] Dougherty FE, Levy HL. Present newborn screening for phenylketonuria. *Ment Retard Dev Disabil Res Rev* 1999; 5: 144-149.
- [7] Arjmand M, Kompany-Zareh M, Vasighi M, Parvizzadeh N, Zamani Z, Nazgooei F. Nuclear magnetic resonance-based screening of thalassemia and quantification of some hematological parameters using chemometric methods. *Talanta* 2010; 81: 1229-1236.
- [8] Viant MR, Rosenblum ES, Tjeerdenma RS. NMR-based metabolomics: a powerful approach for characterizing the effects of environmental stressors on organism health. *Environ Sci Technol* 2003; 37: 4982-4989.
- [9] Zhang A, Sun H, Wu X, Wang X. Urine metabolomics. *Clinica Chimica Acta* 2012; 414: 65-69.
- [10] Agatonovic-Kustrin S, Beresford R. Basic concepts of artificial neural network (ANN) modeling and its application in pharmaceutical research. *J Pharm Biomed Anal* 2000; 22: 717-727.
- [11] Brougham D, Ivanova G, Gottschalk M, Collins D, Eustace A, O'Connor R, Havel J. Artificial neural networks for classification in metabolomic studies of whole cells using 1 h nuclear magnetic resonance. *J Biomed Biotechnol* 2010; 2011: 158094.
- [12] Long W. Medical diagnosis using a probabilistic causal network. *Appl Artific Int Intern J* 1989; 3: 367-383.
- [13] Long WJ. Flexible reasoning about patient management using multiple models. *Artific Int Med* 1991; 3: 3-20.
- [14] Arjmand M, Akbari Z, Taghizadeh N, Shahbazzadeh D, Zamani Z. NMR-based metabonomics survey in rats envenomed by Hemiscorpius lepturus venom. *Toxicology* 2015; 94: 16-22.
- [15] Viant MR. Revealing the metabolome of animal tissues using 1H nuclear magnetic resonance spectroscopy. *Methods Mol Biol* 2007; 358: 229-246.
- [16] Sadoughi F, Sheikhtaheri A. Applications of artificial intelligence in clinical decision making: Opportunities and challenges. *Director General* 2011; 8.
- [17] Raghuveer TS, Garg U, Graf WD. Inborn errors of metabolism in infancy and early childhood: an update. *Am Fam Phys* 2006; 73: 1981-1990.
- [18] Liebl B, Nennstiel-Ratzel U, Roscher A, von Kries R. Data required for the evaluation of newborn screening programmes. *Eur J pediatr* 2003; 162: S57-S61.
- [19] Liebl B, Nennstiel-Ratzel U, von Kries R, Fingerhut R, Olgemöller B, Zapf A, Roscher AA. Expanded newborn screening in Bavaria: tracking to achieve requested repeat testing. *Prev Med* 2002; 34: 132-137.
- [20] Hanley WB. Phenylketonuria (PKU)-A Success Story: INTECH Open Access Publisher; 2012.
- [21] Guthrie R, Susi A. A simple phenylalanine method for detecting phenylketonuria in large populations of newborn infants. *Pediatrics* 1963; 32: 338-343.
- [22] Koch J. Robert guthrie--the PKU story: a crusade against mental retardation: Hope Publishing House; 1997.
- [23] Blumenfeld CM, Wallace MJ, Anderson R. Phenylketonuria—the guthrie screening test—A method of

(۷/۳۳)، متغیرهای شناسایی شده دیگر (متابولیت‌ها در جا به جایی‌های شیمیایی ppm ۶-۹) نیز در تشخیص این بیماری مورد استفاده قرار گرفته شدند. بنابراین احتمال نادیده گرفتن برخی از عوامل خطای متابولیتی به میزان بیشتری کاهش یافته و صحت تشخیص بیشتر گردید.

مدل طراحی شده در این تحقیق توانست در مرحله آموزش با موفقیت ۱۰۰٪ و بدون هیچ‌گونه خطایی، دو گروه کودکان سالم و بیمار را از هم تفکیک و دسته‌بندی نماید (جدول ۱) و در مرحله تست مدل طراحی شده، نرخ خطای تنهای ۰/۲٪ بوده است (جدول ۲). بر اساس این نتایج مدل طراحی شده قادر به شناسایی و تشخیص بیماران فنیل‌کتونوری با موفقیت بالای ۹۰٪ می‌باشد. نتایج نشان می‌دهند که در مقایسه با روش‌های تشخیصی متدائل مانند کیت گاتری (با خطای منفی و مثبت کاذب بالا) و روش HPLC (با خطای ۰/۵٪ میزان خطای روش تشخیص بیماری متابولیسمی فنیل‌کتونوری به کمک طیف سنجی NMR و مدل شبکه عصبی تنهای ۰/۲٪ می‌باشد.

با توجه به شیوع نسبتاً بالای بیماری‌های متابولیسمی و افزایش رو به رشد کودکان با مشکلات جسمی و ذهنی در جامعه، نیاز به یک روش تشخیصی به موقع، سریع و در عین حال کم‌هزینه، جهت جلوگیری از شیوع این گروه از بیماری‌ها ضروری می‌باشد. نتایج به دست آمده در این تحقیق، تاییدکننده توانمندی و قدرت بالای روش طیف سنجی NMR به همراه مدل شبکه عصبی در زمینه تشخیص و شناسایی بیماری فنیل‌کتونوری با دقت بیشتر و میزان خطای کمتر می‌باشد.

تشکر و قدردانی

نویسنده‌گان مقاله کمال تشکر را همکاران بخش بیوشیمی انستیتو پاستور ایران بخاطر همکاری ارزشمندشان می‌نمایند.

منابع

- [1] Centerwall SA, Centerwall WR. The discovery of phenylketonuria: the story of a young couple, two retarded children, and a scientist. *Pediatrics* 2000; 105: 89-103.

- [27] Gupta A. To err is genetics: diagnosis and management of inborn errors of metabolism (IEM). Anthropology Today: Trends, Scopes and Applications 2007; 415-423.

[28] Xia J, Broadhurst DI, Wilson M, Wishart DS. Translational biomarker discovery in clinical metabolomics: an introductory tutorial. Metabolomics 2013; 9: 280-299.

[29] Zhengzheng p, Haiwei G, Nari T, Huanwen C, Narasimhamurthy S, Bryan EH, R GC, Daniel R. Principal component analysis of urine metabolites detected by NMR and DESI-MS in patients with inborn errors of metabolism. Anal Bioanal Chem 2007; 387: 539-549.

[30] Constantinou MA, Papakonstantinou E, Spraul M, Sevastiadou S, Costalos C, Koupparis MA, et al. ^1H NMR-based metabolomics for the diagnosis of inborn errors of metabolism in urine. Anal Chim Acta 2005; 542: 169-177.

[31] Ozand PT. Diagnosis of inborn errors of metabolism by tandem mass spectrometry. Annal Saudi Med 1998; 18: 234-238.

[32] Williams RA, Mamotte CD, Burnett JR. Phenylketonuria: an inborn error of phenylalanine metabolism. Clin Biochem Rev 2008; 29: 31.

Non-invasive diagnosis of phenylketonuria by using artificial neural networking and nuclear magnetic resonance spectroscopy

Fatemeh Dorosti (M.Sc)^{1,2}, Zahra Zanganeh (M.Sc)¹, Roghayeh Mirzazadeh (Ph.D)¹, Zahra Zamani (Ph.D)¹, Mohammad Arjmand(Ph.D)^{*1} and Sedighe Sadeghi (Ph.D)¹

1 - Dept. Of Biochemistry, Pasteur Institute of Iran, Tehran, Iran

2 - Dept of Biochemistry, Payam Noor, Tehran, Iran

(Received: 14 Sep 2015; Accepted: 30 Dec 2015)

Introduction: Phenylketonuria (PKU) is a relatively common metabolic disease in world .The high incidence of the disease in our country is due to consanguineous marriages. The prevalence of this disease in Iran is reported to be about 1: 4000 to 1: 8,000 births per year. Mental retardation, physical disabilities, neurological disorders are the clinical symptoms of the disease. Early diagnosis is very important to prevent the disabling consequences of the disease. The purpose of this study was to use a multi-layer neural network perceptron (MLP) to build a model for early detection and treatment of phenylketonuria patients..

Materials and Methods: Urine samples were obtained from healthy and PKU children. nuclear magnetic resonance spectroscopy was performed in NMR 400 MHz Bruker with the help of NOESY Protocol. Then peak resonance of each metabolite was identified, and modeling was done with multi-layer neural network perceptron.

Results: The Model build in this study was able to classify the data in two groups of patient and healthy individuals successfully, with more than 90% sensitivity and 0.2% error rate with high predictive power

Conclusion: Our results showed the high power capability of this technique to diagnose the Phenylketonuria with the help of NMR spectroscopy and artificial neural network.

Keywords: Phenylketonuria, Artificial neural networking, Magnetic Resonance Spectroscopy

* Corresponding author. Tel: +98 21 66402770

Arjmand1@yahoo.com