

بهبود تخمین اثر بیولوژیکی ملکول‌های مهارکننده پروتئین کیناز، با استفاده از شبکه عصبی و مینیمم خطای جزئی

رویا آرین^۱، علیرضا دهنوی^۲، فهیمه قاسمی^{۳*}

• دریافت مقاله: ۱۳۹۸/۲/۲ • پذیرش مقاله: ۱۳۹۸/۸/۱۱

مقدمه: پروتئین کیناز عامل ایجاد بسیاری از بیماری‌ها از جمله سرطان است؛ بنابراین مهار آن‌ها در درمان بسیاری از بیماری‌ها نقش بسزایی ایفا می‌کند. کشف داروهای جدید با روش‌های آزمایشگاهی، از جمله موضوعات هزینه بردار و زمان‌بر می‌باشد؛ یافتن مدل‌های محاسباتی قابل اطمینان برای شناسایی مهارکننده‌ها می‌تواند هزینه‌ها را به حداقل برساند. هدف از این مطالعه به کارگیری روش شبکه عصبی جهت طبقه‌بندی ترکیبات در دو گروه فعال و غیر فعال و مدل رگرسیون خطی مینیمم خطای جزئی به منظور تخمین میزان اثر بیولوژیکی آن‌ها است.

روش: در این پژوهش، پس از استخراج توصیفگرها از داده‌ها، به منظور جلوگیری از بیش برآزش مدل‌ها، کاهش ابعاد داده از طریق الگوریتم ژنتیک صورت پذیرفت. همچنین جهت طبقه‌بندی داده‌ها در کلاس فعال و غیر فعال از مدل شبکه عصبی و جهت تخمین مقادیر اثر بیولوژیکی ریزملکول‌ها از مدل رگرسیون خطی مینیمم خطای جزئی استفاده شد.

نتایج: نتایج نشان داد بعد از کاهش بعد توصیفگرهای ملکولی، صحت مدل شبکه عصبی از $74/45\%$ به $86/7\%$ تغییر یافت. این مدل در تعداد گره‌های لایه پنهان برابر با ۶، صحت $86/7\%$ ، حساسیت $83/4\%$ ، اختصاصی بودن $89/6\%$ و ضریب همبستگی متیو $73/2\%$ را ارائه می‌دهد. مدل رگرسیون خطی مینیمم خطای جزئی نیز با میزان همبستگی متوسط $85/8\%$ مقادیر بیولوژیکی را تخمین می‌زند.

نتیجه‌گیری: مدل طبقه‌بندی شبکه عصبی و مدل رگرسیون خطی مینیمم خطای جزئی تا میزان قابل قبولی می‌توانند مهارکننده‌های پروتئین کیناز را پیش‌بینی کنند و الگوریتم کاهش بعد ژنتیک عملکرد این مدل‌ها را بهبود می‌بخشد.

کلید واژه‌ها: پروتئین کیناز، طبقه‌بندی، شبکه عصبی، رگرسیون، مینیمم خطای جزئی

• **ارجاع:** آرین، رویا، علیرضا دهنوی، قاسمی، فهیمه. بهبود تخمین اثر بیولوژیکی ملکول‌های مهارکننده پروتئین کیناز، با استفاده از شبکه عصبی و مینیمم خطای جزئی. مجله انفورماتیک سلامت و زیست پزشکی ۱۳۹۹؛ ۷(۱): ۳۰-۳۹.

۱. کارشناسی ارشد بیوالکتریک، گروه بیوالکتریک، دانشکده فناوری‌های نوین علوم پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

۲. دکترای تخصصی بیوالکتریک، استاد، گروه بیوالکتریک، دانشکده فناوری‌های نوین علوم پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

۳. دکترای تخصصی بیوالکتریک، استادیار، گروه بیوانفورماتیک، دانشکده فناوری‌های نوین علوم پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

* **نویسنده مسئول:** فهیمه قاسمی

آدرس: اصفهان، خیابان هزارجریب، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان

• **Email:** f_ghasemi@amt.mui.ac

• **شماره تماس:** ۳۷۹۲۳۸۶۵-۳۱

مقدمه

پروتئین کیناز یک گروه مهم از آنزیم های کیناز است که پروتئین ها را با افزودن گروه فسفات (PO_4) فسفوریله می کند. بیش از سی درصد از پروتئین های بدن تحت تأثیر این آنزیم ها فسفوریله می شوند. گروه های فسفات می توانند فعالیت پروتئین را دچار اختلال کنند و موجب ایجاد بسیاری از بیماری ها از جمله سرطان گردند. مهار پروتئین کیناز امری حیاتی در درمان بعضی از سرطان ها و بیماری های التهابی است؛ بنابراین مهارکننده های پروتئین کیناز می توانند به عنوان دارو عمل کنند [۱].

کشف داروهای جدید در آزمایشگاه ها و به روش کلینیکالی بسیار پر هزینه و زمان بر می باشد. تحقیقات نشان داده است که از روی شکل ظاهری مولکول ها و ترکیبات می توان به اطلاعاتی دست یافت که با مقایسه این اطلاعات به ویژگی های هر ترکیب پی خواهیم برد. به همین جهت بررسی رابطه بین ساختار مولکولی ریزمولکول ها (لیگاندها) و میزان فعالیت آن و نیز شناسایی ریز مولکول های تأثیرگذار بر پروتئین خاص بر اساس رفتار ریز مولکول های مشابه با آن که قبلاً مورد بررسی قرار گرفته اند، در طراحی و کشف نمونه های جدید دارویی از اهمیت بسیار زیادی برخوردار می باشد [۲].

طراحی کامپیوتری دارو با استفاده از روش های ریاضی و یا آماری برای هدف مشخص، رهیافتی نوین در طراحی و غربالگری داروهای جدید با منشأ شیمیایی یا گیاهی، جهت کاهش چشمگیر هزینه و وقت است. داده های به دست آمده در روش های کامپیوتری به منظور برپاکردن مدل هایی مورد استفاده قرار می گیرند که قادر به پیش بینی قدرت اثر بیولوژیکی و یا دسته بندی مولکول ها از نظر فعالیت بیولوژیکی هستند. هرچه مدل از قدرت بیشتری جهت طبقه بندی یا تخمین برخوردار باشد با دقت بهتری می تواند نمونه های دارویی جدید را پیش بینی و پیشنهاد کند. این روش مجازی تخمین اثر بیولوژیکی ترکیبات که سریع تر و مقرون به صرفه تر از روش های تجربی است، به دو دسته مختلف غربالگری بر اساس لیگاند (Quantitative Structure Activity Relationship) و QSAR (Relationship) و غربالگری بر اساس ساختار، تقسیم می شوند. در روش های QSAR در ابتدا سعی می شود مدلی جهت ارتباط دادن توصیفگرهای ساختاری یک دسته مولکول و میزان فعالیت آن ها ارائه شود، سپس بهترین مولکول که با کمترین غلظت، بیشترین و اختصاصی ترین اثر را دارد انتخاب می شود [۳].

استفاده از روش های یادگیری ماشینی از جمله ماشین بردار پشتیبان (SVM(Support Vector Machine) [۴]، K-NN(K Nearest Neighbors) همسایه نزدیک ترین همسایه [۵]، Fuzzy KNN [۶-۸]، Naïve Bayesian [۹]، RF [۱۰] (Neural Network) و NN [۱۱]، PLS(Partial Least Square) [۱۲] و شبکه های عمیق [۹] علمی است که در دهه های اخیر در همه حوزه ها از جمله علم داروسازی وارد شده است و در طبقه بندی ترکیبات و تخمین مقادیر اثر بیولوژیکی بر اساس توصیفگرهای مولکولی به کار گرفته شده است [۱۳]. توصیفگرهای مولکولی به کلیه اطلاعات مستخرج از ساختار ترکیبات گفته می شود که از جمله آن ها می توان ویژگی های فیزیکوشیمیایی و بارهای فضایی اطراف لیگاند را نام برد؛ اما مشکل عمده ای که با آن مواجه خواهیم شد تعداد زیاد توصیفگرهای مولکولی در مقایسه با تعداد کم ترکیبات می باشد که باعث به وجود آمدن مشکل بیش برآزش مدل می شود که روش های کاهش بعد، به کمک این مسئله آمده اند [۲].

هدف از این مطالعه به کارگیری روش شبکه عصبی Learning Vector Quantization Neural Network(LVQ(Network به منظور طبقه بندی ترکیبات در دو گروه فعال (مهارکننده پروتئین کیناز) و غیرفعال (غیرمهار کننده پروتئین کیناز) و مدل PLS به منظور تخمین میزان اثر بیولوژیکی و بررسی عملکرد آن ها است. در این راستا ابتدا جهت ارزیابی مدل ها، داده ها به دو دسته داده تست و آموزش به روش K-fold تقسیم شدند. به منظور رفع مشکل بیش برآزش مدل به علت تعداد بالای توصیفگرهای استخراج شده، با استفاده از روش کاهش بعد الگوریتم ژنتیک تعداد توصیفگرهای مولکولی به ۶ توصیفگر کاهش داده و عملکرد آن بر روی مدل بررسی شد. نتایج به دست آمده حاکی از آن است که این الگوریتم در نتیجه مدل بسیار مؤثر است. در نهایت با کلاسیفایر LVQ ریز مولکول ها طبقه بندی و با مدل رگرسیون PLS اثر بیولوژیکی آن ها تخمین زده شد.

در این مطالعه ریز مولکول های (لیگاندهای) (مقدار غلظت دارو یا لیگاند (بر حسب مولار) که برای مهار فعالیت یک پروتئین، آنزیم یا ... و کاهش فعالیت آن به نصف میزان اولیه، نیاز است.) زیستی کاندیدای مهارکنندگی پروتئین کیناز مورد مطالعه قرار گرفتند. تعداد ۹۰ ریز مولکول بررسی شده Saghaie و همکاران [۱۴]، با میزان مهارکنندگی یا (Half maximal Inhibitory Concentration) IC_{50} مشخص، به عنوان

گروه QSPR و کمومتریکس دانشگاه میلانو در سال ۱۹۹۴ طراحی شده است. این نرم افزار توانایی استخراج بیش از ۱۶۰۰ توصیفگر یک بعدی، دو بعدی و سه بعدی را دارد که به ۲۰ دسته اصلی تقسیم می شوند [۱۶]. در نهایت خروجی به فرم زیر به دست آمد که این ماتریس، همان ماتریس ورودی مدل است.

$$\text{Input Matrix} = \begin{bmatrix} x_{11} & \dots & x_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{m1} & \dots & x_{mn} \end{bmatrix}$$

هالند، معرفی شد. در این الگوریتم مجموعه های کوچک از ویژگی ها انتخاب می گردد و در هر تکرار تأثیر یکی از آن ها بر مدل مورد آزمایش قرار می گیرد. مجموعه هایی که مدل با آن ها عملکرد مناسبی دارد با هم ترکیب شده و به عنوان یک مجموعه جدید به کار برده می شوند. در واقع الگوریتم ژنتیک بر دو اصل استوار است. اول آن که توصیفگرهایی که قوی تر و مؤثرترند فرصت بیشتری برای باقی ماندن دارند و دوم آن که از ترکیب دو توصیفگر (یا دو مجموعه توصیفگر)، ممکن است توصیفگر مؤثرتری، حاصل شود. الگوریتم چندین بار اجرا می شود و در نهایت بهترین ها، بعد از تمامی اجراها، کشف و انتخاب می شوند [۱۸].

بهتر است قبل از انتخاب ویژگی های بهینه، ابتدا آن ها نرمال شود تا تفاوت محدوده داده ای بین آن ها از بین برود. در این پژوهش جهت دستیابی به این هدف از معادله (۱) زیر استفاده شد.

$$X_{\text{norm}ji} = (X_{ji} - \text{Mini}) / (\text{Maxi} - \text{Mini})$$

موجود در دو کلاس فعال (مهارکننده پروتئین کیناز) و غیرفعال (غیر مهارکننده پروتئین کیناز)، شبکه عصبی LVQ است. LVQ یک روش طبقه بندی است که در آن هر کدام از خروجی ها، نمایش دهنده یک کلاس است. بردار وزن هر کدام از کلاس ها، مقداردهی اولیه شده و سپس توسط الگوریتم های یادگیری با نظارت بهینه می شوند، در نهایت شبکه LVQ ورودی را با توجه به وزن ها و بایاس های نهایی به یکی از کلاس ها نسبت می دهد.

الگوریتم

X: بردار ورودی، W_j: بردار وزن ژامین کلاس، C_j: کلاس برای ژامین واحد خروجی، T: کلاس صحیح برای بردار

ورودی مدل در نظر گرفته شد. تمامی ریز مولکول ها در نرم افزار ChemDraw به صورت دوبعدی ترسیم و سپس شکل سه بعدی آن ها با استفاده از نرم افزار HyperChem Professional که شبیه سازی فضایی را انجام می دهد بهینه شد. سپس به منظور استخراج ویژگی، نرم افزار Dragon مورد استفاده قرار گرفت [۱۵]. نرم افزار دراگون نخستین بار توسط

در اینجا m تعداد ریز مولکول ها یعنی همان ۹۰ و n تعداد توصیفگرها می باشد که در این مطالعه ۷۸۲ توصیفگر از نرم افزار استخراج گشت. تعداد کل توصیفگرهای استخراج شده بسیار زیاد است که جهت بهبود عملکرد مدل ها بایستی این تعداد با استفاده از روش های کاهش بعد مناسب تقلیل یابد. در آنالیزهای همبستگی می توان توصیفگرهایی را که همبستگی زیادی با توصیفگر دیگر یا همبستگی پایینی با کلاس فعال دارد را حذف نمود. مستقل بودن و نداشتن هم پوشانی با سایر توصیفگرها از جمله ویژگی های مطلوبی است که توصیفگر باقی مانده باید دارا باشد. از میان دو توصیفگری که همبستگی بالایی با یکدیگر دارند، توصیفگری حذف می گردد که کمترین همبستگی با کلاس هدف دارد [۱۷]. در این مطالعه جهت کاهش ابعاد و جلوگیری از رخداد بیش برآزش از روش الگوریتم ژنتیک استفاده و توصیفگرهای بهینه، برگزیده شدند. الگوریتم ژنتیک نوعی الگوریتم تکاملی است و بر اساس تکنیک وراثت و جهش، عمل می کند و نخستین بار در سال ۱۶۶۷ توسط جان معادله (۱)

در اینجا، X_{normji}: توصیفگر نرمال شده (ژام) از ستون (iام)، X_{ji} توصیفگر (ژام) از ستون (iام)، Max_i ماکزیمم داده ستون (iام) و Min_i مینیمم داده ستون (iام)، است.

در این مطالعه، در مرحله طبقه بندی مولکول ها، با آستانه گذاری مناسب مقدار IC₅₀ می توان دریافت که ریز مولکول هایی با IC₅₀ < 7 μm، توانایی مهار مؤثر مولکول کیناز را دارند (فعال) و مولکول هایی با IC₅₀ ≥ 7 μm به خوبی از این توانایی برخوردار نمی باشند (غیرفعال)، بر این اساس از ۹۰ داده اولیه، ۴۳ داده به کلاس فعال با برچسب 1 و ۴۷ داده به کلاس غیرفعال با برچسب 1- تعلق گرفت. مدل به کار گرفته شده در این مقاله به منظور طبقه بندی ریز مولکول های

در این پژوهش که تمامی روشها در نرم افزار Matlab پیاده سازی شده است، ۹۰ داده به روش cross validation K-fold به داده های تست و آموزش تقسیم شدند که مقدار K در اینجا با توجه به تعداد داده ها، ۵ انتخاب شد. هر بار یک فولد به عنوان داده تست و باقی فولدها به عنوان داده آموزش به مدل داده شده و پارامترهای ACC، SE، SP، MCC و محاسبه و در نهایت میانگین پارامترهای تمامی فولدها به عنوان مقادیر نهایی گزارش شد.

پس از پیش پردازش داده ها و استخراج ویژگی ها، توصیفگرهای بهینه از طرق الگوریتم ژنتیک برگزیده شدند. پس از چندین مرتبه اجرای الگوریتم ژنتیک و به دنبال آن، باقی مدل های طبقه بندی و پیش بینی کننده، به این نتیجه رسیدیم که مدل ها با ۶ توصیفگر بهینه نتایج قابل قبولی خواهند داشت.

سپس داده ها به روش شبکه عصبی LVQ طبقه بندی شدند. ابتدا مدل طراحی شده یک بار برای داده ها بدون اعمال الگوریتم ژنتیک و کاهش بعد و سپس برای داده هایی که به روش ژنتیک کاهش بعد یافته بودند، اجرا شد تا تأثیر کاهش بعد بر عملکرد مدل شفاف گردد. برای پی بردن به تعداد گره لایه پنهان که مدل با آن بهترین عملکرد را دارد نیز، این تعداد از ۲ تا ۱۰ تغییر داده و میزان صحت در هر تکرار بررسی شد که نتایج در شکل ۱ گزارش شد. همان گونه که در این شکل مشاهده شد، بهترین تعداد گره از نظر هزینه محاسبات، زمان و دقت، شش بود.

آموزشی، $\|X-W_j\|$: فاصله اقلیدسی بین بردار ورودی و [آمین خروجی]

۱. انتخاب اولیه بردار وزن و نرخ یادگیری (α)

۲. مقدار J را به نحوی انتخاب کن که مقدار $\|X-W_j\|$ حداقل شود.

۳. به روزرسانی وزن ها

$$W_j(\text{new}) = W_j(\text{old}) + \alpha[X - W_j(\text{old})] \quad (\text{if } C_j = T)$$

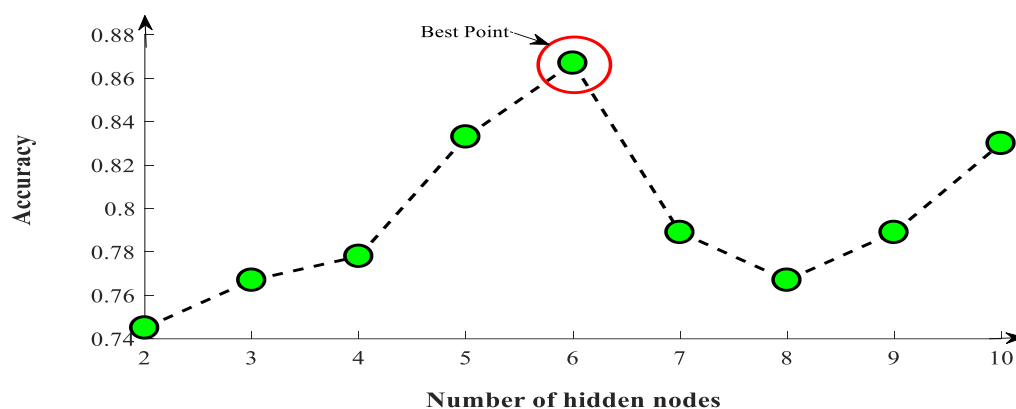
$$W_j(\text{new}) = W_j(\text{old}) - \alpha[X - W_j(\text{old})] \quad (\text{if } C_j \neq T)$$

۴. کاهش نرخ یادگیری

۵. تا زمانی که به شرط خاتمه نرسیده است الگوریتم از مرحله (۲) تکرار شود، (شرط خاتمه می تواند تعداد تکرار معین و یا کمتر شدن مقدار خطا از میزانی مشخص باشد [۱۹]).

در این پژوهش همچنین تخمین دقیق اثر بیولوژیکی لیگاند ها، با استفاده از روش خطی مینیمم خطای جزئی یا همان PLS (Partial Least Squares Regression) صورت گرفت. به طور کلی برای برآورد پارامترهای یک مدل دو رویکرد از جمله رویکرد مبتنی بر کوواریانس و رویکرد مبتنی بر واریانس یا PLS وجود دارد. در PLS متغیرهای پنهان به گونه ای برآورد خواهند شد که ترکیب خطی از مقادیر مطلوب خود باشند. در این روش وزن ها به گونه ای محاسبه می شوند که برای پیش بینی متغیرهای وابسته از روی متغیرهای مستقل، بیشترین واریانس را داشته باشد. روش حداقل مربعات جزئی سازگاری بسیاری با نمونه ها و مجموعه های کوچک دارد.

نتایج



شکل ۱: تغییرات صحت مدل LVQ به نسبت تغییرات تعداد گره های لایه پنهان شبکه

جهت بررسی عملکرد کلاسیفایر (Classifier)، پارامترهای صحت (ACC (Accuracy)، حساسیت (Sensitivity)، ویژگی (SE (Specificity) و ضریب همبستگی متیو (MCC (Mathew correlation coefficient) معادلات

۲-۵) محاسبه گردیدند که در آن TP (True Positive)، مثبت درست، TN (True Negative)، منفی درست، FP (False Positive)، مثبت نادرست و FN (False Negative)، منفی نادرست می باشد.

معادله (۲)	$SE = \frac{TP}{TP + FN}$
معادله (۳)	$SP = \frac{TN}{TN + FP}$
معادله (۴)	$ACC = \frac{TP + TN + FP + FN}{TP + TN + FP + FN}$
معادله (۵)	$MCC = \frac{TP \cdot TN - FP \cdot FN}{\sqrt{(TP + FN)(TN + FP)(TP + FP)(TN + FN)}}$

به منظور بررسی عملکرد الگوریتم ژنتیک نتایج مدل در دو حالت مختلف، پیش از کاهش بعد و بعد از آن، مورد ارزیابی قرار گرفت، همان گونه که مشاهده شد، پیاده سازی الگوریتم

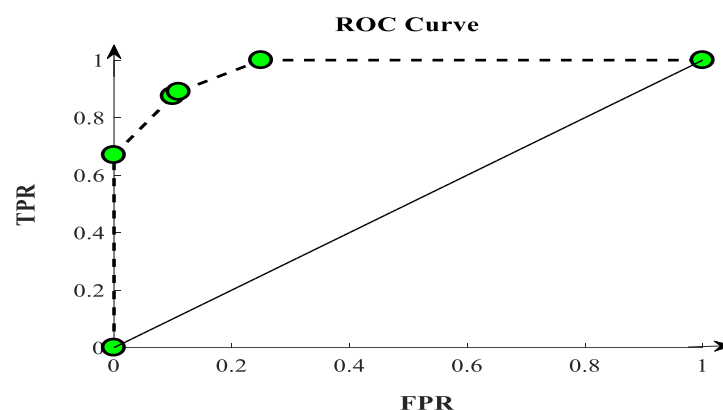
ژنتیک تأثیر بسزایی در بهبود عملکرد مدل به همراه داشت (جدول ۲).

جدول ۲: مقادیر صحت، حساسیت، ویژگی و ضریب همبستگی متیو در مدل طبقه بندی کننده LVQ برای داده ها قبل و بعد از انجام کاهش بعد

ضریب همبستگی متیو (%)	ویژگی (%)	حساسیت (%)	صحت (%)	نوع داده برده شده
۴۸/۵	۷۷/۰۸	۷۱/۴۳	۷۴/۴۵	پیش از کاهش بعد
۷۳/۲	۸۹/۶	۸۳/۴	۸۶/۷	بعد از کاهش بعد به روش الگوریتم ژنتیک

از طرف دیگر، جهت ارزیابی دقیق تر مدل، نمودار (Receiver Operating Characteristic) ROC مدل که منحنی با نمودار عمودی برحسب تعداد موارد تخمین زده شده مثبت که به درستی تخمین زده شده اند (TPR) و نمودار افقی برحسب

تعداد موارد تخمین زده شده مثبت که به درستی تخمین زده نشده اند (FPR) نیز، به ازای تکرار مدل در فولدهای مختلف رسم و در شکل ۲ آورده شد.

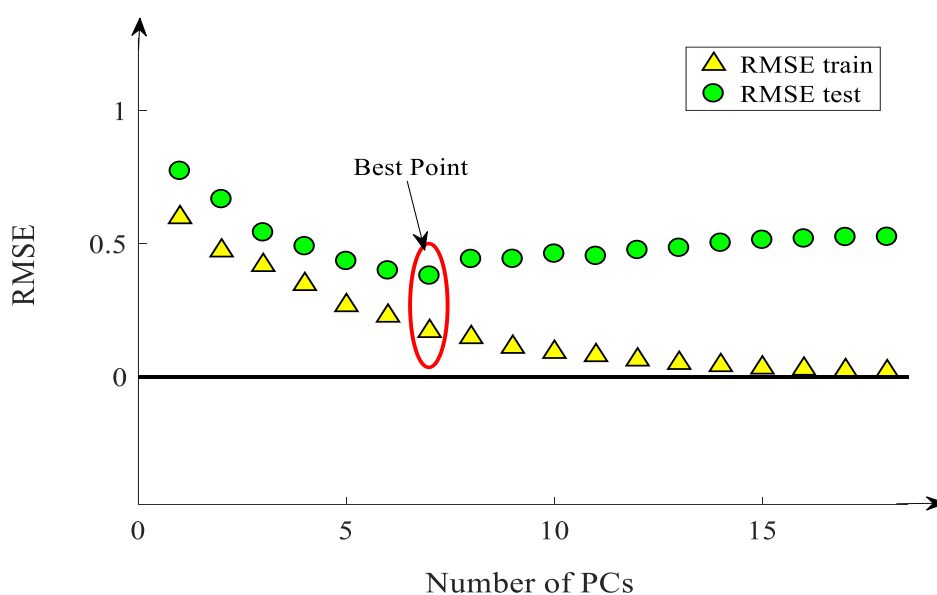


شکل ۲: منحنی ROC کلاسیفایر LVQ

در پایان، جهت تخمین میزان اثر بیولوژیکی هر ریز مولکول، از مدل آماری PLS استفاده شد. جهت ارزیابی مدل PLS از روش اعتبارسنجی RMSE (معادله ۶)، میزان میانگین مینیمم خطای مربع را مشخص می‌کند، استفاده شد. RMSE_{TRAIN} جهت بررسی خطای خروجی داده‌های آموزش و

جهت بررسی خطای خروجی داده‌های آموزش و

$$RMSE = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (O_k - y'_k)^2}{n}} \quad \text{معادله (۶)}$$



شکل-۳: تغییرات RMSE برای داده‌های تست و آموزش به نسبت تغییرات تعداد اجزای مدل PLS

ارزیابی دقیق‌تر مدل PLS میزان همبستگی بین مقادیر خروجی تخمین زده شده توسط مدل و مقدار واقعی IC₅₀ ها نیز مورد مطالعه قرار گرفت که این پارامتر از طریق معادله (۷) محاسبه گردید.

در این معادله، y_k خروجی مطلوب، y'_k خروجی تخمینی مدل و n تعداد داده‌ها است. همان‌گونه که در شکل ۳ مشاهده شد، بهترین تعداد مؤلفه جهت تخمین خروجی، از نظر هزینه محاسباتی و دقت مدل، هفت است. از طرفی، به منظور

$$corr(y_k, y'_k) = \frac{cov(y_k, y'_k)}{\sigma_{y_k} \sigma_{y'_k}} \quad \text{معادله (۷)}$$

مختلف در جدول ۳ آورده شد. در واقع، مدل PLS توانسته است به طور متوسط با همبستگی حدود ۰/۸۶ میزان IC₅₀ ترکیبات را تخمین بزند.

که در آن COIT همبستگی، COV کوواریانس، y_k خروجی مطلوب، y'_k خروجی مدل و σ انحراف از معیار است. نتایج حاصله برای هر بار تکرار مدل طراحی شده در فولدهای

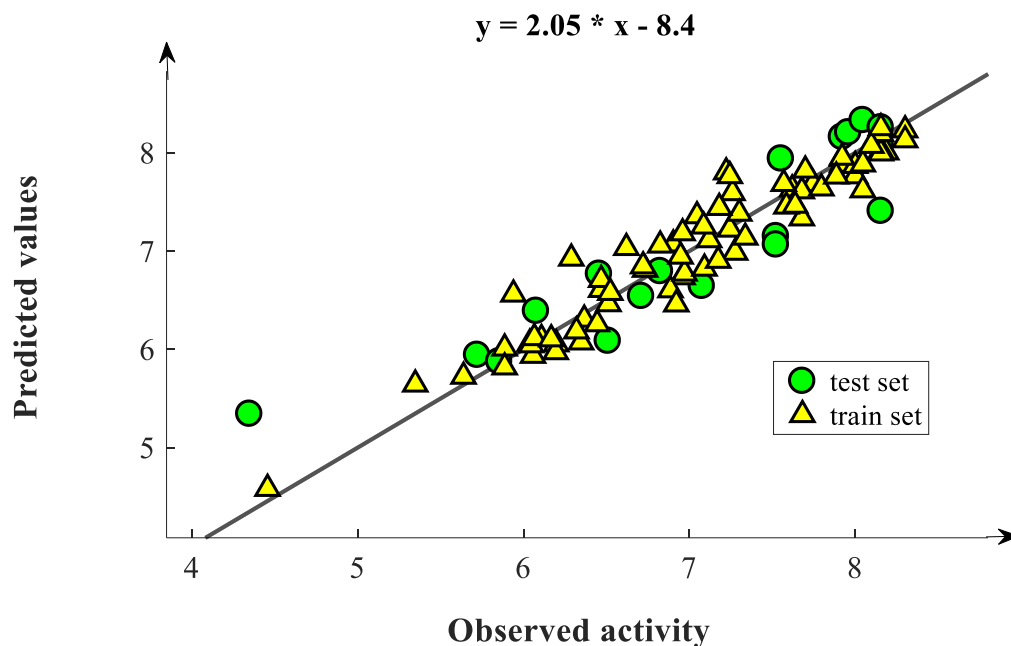
جدول ۳: میزان همبستگی میان مقادیر مطلوب و مقادیر پیش‌بینی شده توسط مدل PLS در فولدهای مختلف

میانگین	۵	۴	۳	۲	۱	شماره تکرار مدل
۰/۸۵۸	۰/۸۰۹	۰/۹۱	۰/۸۶	۰/۸۱۵	۰/۸۹۴	میزان همبستگی

جهت ارزیابی دقیق‌تر عملکرد مدل تخمینی PLS، منحنی پراکندگی مقادیر خروجی تخمین زده شده بر حسب IC_{50} های واقعی برای نمونه‌های آموزش و تست ترسیم شده است (شکل

$$y = 2.05 * x - 8.4 \quad (۸)$$

که در آن X و Y به ترتیب نشانگر مقادیر حقیقی و تخمینی می‌باشد.



شکل ۴: مقایسه مقادیر مطلوب میزان فعالیت ریز مولکول‌ها و مقادیر به دست آمده توسط مدل PLS برای داده‌های تست و آموزش، *مثلهای بنفش نمونه‌های آموزشی و دایره‌های سبز نمونه‌های تست می‌باشد.

بحث و نتیجه‌گیری

همان‌گونه که می‌دانید، هر بیماری حاصل به هم خوردن نظم طبیعی یکی از چرخه‌های فعالیت بدن است؛ بنابراین با دانستن این که کدام چرخه بدن از نظم طبیعی خود خارج شده است، می‌توان دارویی را به کار برد که دوباره آن را به حالت اولیه

بازگرداند؛ اما از آنجایی که کشف داروهای جدید در آزمایشگاه‌ها و به روش کلینیکالی بسیار پرهزینه و زمان‌بر می‌باشد؛ لذا شناسایی ریز مولکول‌های تأثیرگذار، بر اساس رفتار سایر ریز مولکول‌های مشابه با آنکه قبلاً مورد بررسی قرار گرفته‌اند، در کاهش هزینه‌های طراحی و کشف نمونه‌های جدید دارویی

داده های تست دارد. در تعداد بیش از ۶ کامپوننت، RMSE داده های آموزش همچنان کاهش می یابد؛ اما RMSE داده تست رو به افزایش می رود که مطلوب نیست. مدل PLS با ارائه میزان همبستگی ۸۵/۸٪ بین مقادیر مطلوب و مقادیر به دست آمده از مدل، توانسته است تا حد قابل قبولی در تخمین اثر بیولوژیکی مهارکننده های پروتئین کیناز مفید واقع شود. لازم به ذکر است داده های این پژوهش از مطالعه Saghaie و همکاران [۱۴]، استخراج شد که در آن با استفاده از ویژگی های مستخرج از ساختمان مولکول ها سعی بر تخمین اثر بیولوژیکی ترکیبات با استفاده از روش PLS نموده و به همبستگی ۹۵٪ رسیده است؛ بنابراین به نظر می رسد در این دسته ترکیبات استفاده از ویژگی های ساختاری جهت تخمین اثر بیولوژیک بهتر از توصیفگرهای فیزیکو-شیمیایی عمل می کند. همچنین با توجه به این که مدل طبقه بندی PLS به کار برده شده در این مطالعه، در مقالات دیگری نیز مورد بررسی قرار گرفته و مطلوب بودن عملکرد آن تأیید شده است [۲۰-۲۲]، بنابراین واضح است تفاوت نتایج در این مطالعه و مطالعه مذکور تنها در نوع انتخاب ویژگی ها بوده است و مدل طبقه بندی PLS عملکرد مناسبی را به اجرا گذاشته است. با توجه به اهمیت مسئله کاهش بعد در روش های یادگیری ماشین، لازم است در تحقیقات آینده روش های بیشتری در کنار روش الگوریتم ژنتیک مورد تجزیه و تحلیل قرار گیرد.

تشکر و قدردانی

این مطالعه مستخرج از طرح تحقیقاتی، مصوب با شماره ۲۹۷۱۷۴ و با حمایت معاونت آموزشی و پژوهشی دانشگاه علوم پزشکی اصفهان انجام شد.

تعارض منافع

نویسندگان تعارض منافع نداشتند.

References

1. Lu Z, Hunter T. Metabolic kinases moonlighting as protein kinases. Trends Biochem Sci 2018;43(4):301-10. doi: 10.1016/j.tibs.2018.01.006.
2. Ghasemi F, Mehridehnavi A, Fassihi A, Pérez-Sánchez H. Deep neural network in QSAR studies using deep belief network. Applied Soft Computing. 2018;62:251-8. doi.org/10.1016/j.asoc.2017.09.040
3. Mostashari-Rad T, Arian R, Sadri H, Mehridehnavi A, Mokhtari M, Ghasemi F, et al. Study of CXCR₄ chemokine receptor inhibitors using QSPR and

بسیار مؤثر می باشد. از طرف دیگر، با توجه به رشد روزافزون سرطان در جوامع بشری و تأثیر بسیار زیاد آن از نظر روحی و روانی بر مردم جامعه، طراحی دارو برای گیرنده های مرتبط با رشد سلول های سرطانی از اهمیت ویژه ای در این حوزه برخوردار است که یکی از مهم ترین این گیرنده ها پروتئین های کیناز می باشد. پروتئین کیناز یک گروه مهم از آنزیم های کیناز است که پروتئین ها را با افزودن گروه فسفات (PO₄) فسفوریله می کند. بیش از سی درصد از پروتئین های بدن تحت تأثیر این آنزیم ها فسفوریله می شوند. گروه های فسفات می توانند فعالیت پروتئین را دچار اختلال کنند و باعث ایجاد بسیاری از بیماری ها از جمله سرطان گردند. مهار پروتئین کیناز امری حیاتی در درمان بعضی از سرطان ها و بیماری های التهابی است؛ بنابراین مهارکننده های پروتئین کیناز می توانند به عنوان دارو عمل کنند.

در این پژوهش، مدل طبقه بندی شبکه عصبی LVQ به منظور تمایز قائل شدن میان مهارکننده های پروتئین کیناز از غیر مهارکننده ها و مدل رگرسیون خطی PLS جهت تخمین مقادیر اثر بیولوژیکی (IC₅₀) هر ریز مولکول کاندید مهارکنندگی پروتئین کیناز، به کار گرفته شد. توصیفگرهای مولکولی که از نرم افزار دراگون استخراج می شوند، نقش بسیار مهمی در عملکرد مدل ها ایفا می کنند. به منظور کاهش ابعاد و جلوگیری از بیش برآزش مدل ها، در این پژوهش از روش ژنتیک بهره گرفته شد. نتایج به دست آمده از اجرای مدل LVQ قبل و بعد از کاهش بعد، حاکی از آن است که این روش در عملکرد مدل نقش بسزایی ایفا می کند و توانسته است صحت مدل را از ۷۱٪/۴۵ به ۸۶٪/۷ برساند. واضح است که مدل LVQ بهترین عملکرد خود را در تعداد گره های لایه پنهان برابر با ۶، با صحت ۸۶٪/۷، حساسیت ۸۳٪/۴، اختصاصی بودن ۸۹٪/۶ و ضریب همبستگی متیو ۷۳٪/۲ ایفا خواهد کرد.

نتایج حاصل حاکی از آن است که مدل رگرسیون PLS نیز در تعداد کامپوننت های برابر با ۷ کمترین مقدار RMSE را در

- molecular docking methodologies. Journal of Theoretical and Computational Chemistry 2019;18(04):1950018. doi: 10.1142/S0219633619500184
4. Hughes ZE, Walsh TR. Structural Disruption of an Adenosine-Binding DNA Aptamer on Graphene: Implications for Aptasensor Design. ACS Sens. 2017;2(11):1602-11. doi: 10.1021/acssensors.7b00435.
5. Tahir M, Hayat M, Kabir M. Sequence based predictor for discrimination of enhancer and their types

- by applying general form of Chou's trinucleotide composition. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 2017;146:69-75. doi.org/10.1016/j.cmpb.2017.05.008
6. Tiwari AK, Srivastava R. An Efficient Approach for Prediction of Nuclear Receptor and Their Subfamilies Based on Fuzzy k-Nearest Neighbor with Maximum Relevance Minimum Redundancy. *Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section A: Physical Sciences* 2018;88(1):129-36. doi: 10.1007/s40010-016-0325-6
7. Derevyanko G, Grudin S, Bengio Y, Lamoureux G. Deep convolutional networks for quality assessment of protein folds. *Bioinformatics* 2018;34(23):4046-53. doi: 10.1093/bioinformatics/bty494
8. Geng H, Lu T, Lin X, Liu Y, Yan F. Prediction of Protein-Protein Interaction Sites Based on Naive Bayes Classifier. *Biochemistry Research International* 2015:1-7.
9. Ghasemi F, Mehridehnavi A, Fassihi A, Pérez-Sánchez H. Deep neural network in QSAR studies using deep belief network. *Applied Soft Computing* 2018;62:251-8. doi.org/10.1016/j.asoc.2017.09.040
10. Song J, Li F, Takemoto K, Haffari G, Akutsu T, Chou KC, Webb GI. PREvalL, an integrative approach for inferring catalytic residues using sequence, structural, and network features in a machine-learning framework. *Journal of Theoretical Biology*. 2018;443:125-37. doi.org/10.1016/j.jasoc.2017.09.040
11. Wei L, Xing P, Tang J, Zou Q. PhosPred-RF: A Novel Sequence-Based Predictor for Phosphorylation Sites Using Sequential Information Only. *IEEE Trans Nanobioscience* 2017;16(4):240-7. doi: 10.1109/TNB.2017.2661756.
12. Alladio E, Giacomelli L, Biosa G, Corcia DD, Gerace E3, Salomone A, et al. Development and validation of a Partial Least Squares-Discriminant Analysis (PLS-DA) model based on the determination of ethyl glucuronide (EtG) and fatty acid ethyl esters (FAEEs) in hair for the diagnosis of chronic alcohol abuse. *Forensic Sci Int* 2018;282:221-30. doi: 10.1016/j.forsciint.2017.11.010.
13. Alghamedy F, Bopaiah J, Jones D, Zhang X, Weiss HL, Ellingson SR. Incorporating Protein Dynamics Through Ensemble Docking in Machine Learning Models to Predict Drug Binding. *AMIA Jt Summits Transl Sci Proc* 2018;2017:26 - 34.
14. Saghaie L, Shahlaei M, Madadkar-Sobhani A, Fassihi A. Application of partial least squares and radial basis function neural networks in multivariate imaging analysis-quantitative structure activity relationship: study of cyclin dependent kinase 4 inhibitors. *Journal of Molecular Graphics and Modelling*. 2010;29(4):518-28. doi.org/10.1016/j.jmkgm.2010.10.001
15. Ghasemi F, Fassihi A, Pérez-Sánchez H, Mehri Dehnavi A. The role of different sampling methods in improving biological activity prediction using deep belief network. *J Comput Chem* 2017;38(4):195-203. doi: 10.1002/jcc.24671.
16. Mauri A, Consonni V, Pavan M, Todeschini R. Dragon software: An easy approach to molecular descriptor calculations. *MATCH Communications in Mathematical and in Computer Chemistry* 2006;56(2):237-48.
17. Fang J, Yang R, Gao L, Zhou D, Yang S, Liu AL, et al. Predictions of BuChE inhibitors using support vector machine and naive Bayesian classification techniques in drug discovery. *J Chem Inf Model* 2013;53(11):3009-20. doi: 10.1021/ci400331p.
18. Maltarollo VG, Kronenberger T, Espinoza GZ, Oliveira PR, Honório KM. Advances with support vector machines for novel drug discovery. *Expert Opin Drug Discov* 2019;14(1):23-33. doi: 10.1080/17460441.2019.1549033.
19. Korkmaz S, Zararsiz G, Goksuluk D. MLViS: A Web Tool for Machine Learning-Based Virtual Screening in Early-Phase of Drug Discovery and Development. *PLoS One* 2015;10(4):e0124600. doi: 10.1371/journal.pone.0124600.
20. Ahmadi M, Shahlaei M. Quantitative structure-activity relationship study of P2X7 receptor inhibitors using combination of principal component analysis and artificial intelligence methods. *Res Pharm Sci* 2015;10(4):307-25.
21. Shahlaei M, Bahrami G, Abdolmaleki S, Sadrjavadi K, Majnooni MB. Application of unfolded principal component analysis-radial basis function neural network for determination of celecoxib in human serum by three-dimensional excitation-emission matrix fluorescence spectroscopy. *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy* 2015; 138:675-83. doi.org/10.1016/j.saa.2014.12.007
22. Shahlaei M, Madadkar-Sobhani A, Fassihi A, Saghaie L, Arkan E. QSAR study of some CCR5 antagonists as anti-HIV agents using radial basis function neural network and general regression neural network on the basis of principal components. *Medicinal Chemistry Research* 2012;21(10):3246-62. doi: 10.1007/s00044-011-9863-2

Improving biological activity prediction of protein kinase inhibitors using artificial neural network and partial least square methods

Arian Roya¹, Mehri Dehnavi Alireza², Ghasemi Fahimeh^{3*}

• Received: 22 Apr, 2019

• Accepted: 2 Nov, 2019

Introduction: Protein kinase causes many diseases, including cancer; therefore, inhibiting them plays an important role in the treatment of many diseases. Traditional discovery inhibitors of this enzyme is a time-consuming and costly process. Finding a reliable computer-aided drug discovery tools which can detect the inhibitors will reduce the cost. In this study, it is attempted to separate kinase inhibitors into two groups, active and inactive, using artificial neural network and finally predict biological activities of the predicted active compounds by partial least square.

Method: In this study, after extracting the molecular descriptors in order to avoid overfitting problem, dimensional reduction was applied using Genetic algorithm. Moreover, artificial neural network was applied to distinguish active compounds from inactive ones and the biological activities of the small molecules were predicted using partial least square linear regression.

Results: The results show that accuracy of the Neural network model was improved from 74.45% to 86.7%, after reducing molecular descriptor dimensions. The number of hidden nodes of this model was six with 86.7% accuracy, 83.4% sensitivity, 89.6% specificity and 73.2% Mathew's correlation coefficient. Moreover the partial least square linear regression model predicts the biological activity values by 85.8% correlation.

Conclusion: The Neural network model and the partial least square linear regression model can sufficiently predict Kinase inhibitors and Genetic algorithm will improve the models performance.

Keywords: Protein kinase, Classification, Neural network, Regression, partial least square

• **Citation:** Arian R, Mehri Dehnavi AR, Ghasemi F. Improving biological activity prediction of protein kinase inhibitors using artificial neural network and partial least square methods. Journal of Health and Biomedical Informatics 2020; 7(1): 30-9. [In Persian]

1. M.Sc. in Bioelectronics, Bioelectronics Dept., School of Advanced Technologies in Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

2. Ph.D. in Bioelectronics, Professor, Bioelectronics Dept., School of Advanced Technologies in Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

3. Ph.D. in Bioelectronics, Assistant Professor, Bioinformatics Dept., School of Advanced Technologies in Medicine, Isfahan University of Medical Sciences, Isfahan, Iran

*Corresponding Author: Fahimeh Ghasemi

Address: Isfahan University of Medical Sciences Hezar Jarib St., Isfahan

• Tel: 031-37923865

• Email: f_ghasemi@amt.mui.ac.ir