پژوهش‌های فیزیولوژی و مدیریت در ورزش
دورهٔ ۱۲، شمارهٔ ۱، بهار ۱۳۹۹
ص ص : ۸۳- ۷۱

مقایسهٔ تغییرات متابولیکی بازیکنان مرکزی و پیرامونی در مسابقهٔ بسکتبال با استفاده از متابولومیکس

کیوان خرمی پور[۱] – عباسعلی گائینی*[۲] – الهام شیرزاد [۳]

۱.دکتری بیوشیمی و متابولیسم ورزشی، گروه فیزیولوژی ورزش، دانشکدهٔ تربیت بدنی، دانشگاه تهران، تهران، ایران
۲.استاد گروه فیزیولوژی ورزش دانشکدهٔ تربیت بدنی، دانشگاه تهران، تهران، ایران ۳.استادیار گروه بهداشت و طب ورزش دانشکدهٔ تربیت بدنی، دانشگاه تهران، تهران، ایران

(تاریخ دریافت : ۲۲/ ۱۰/ ۱۳۹۷، تاریخ تصویب : ۲۹ / ۰۱/ ۱۳۹۸)

چکیده

در سال‌های اخیر پژوهشگران نشان داده‌اند بهترین روش تمرین، الگوبرداری از مسابقه است. از سوی دیگر، در بسکتبال پست‌های گوناگونی وجود دارد که نیازهای فیزیولوژیایی و تمرینی متفاوتی دارند. بنابراین، در این پژوهش تغییرات متابولیکی بازیکنان مرکزی و پیرامونی در یک مسابقهٔ بسکتبال بررسی شده است. بدین‌منظور ۵ بازیکن اصلی ۱۴ تیم حاضر در مسابقات لیگ زیر ۲۳ سال، ملی یا لیگ برتر سال ۱۳۹۶ به‌عنوان آزمودنی انتخاب شدند. نمونه‌های بزاق این بازیکنان پس از ۴۰ دقیقه مسابقهٔ بسکتبال (با توجه به قوانین FIBA) گرفته شد و با استفاده از روش متابولومیکس مقایسه شدند. از دستگاه HNMR برای انجام متابولومیکس و از نرم‌افزارهای مسترنوا و متابوانالیست برای آنالیز داده‌ها استفاده شد. آزمون‌های PCA و PLSDA نیز به‌عنوان آزمون‌های آماری استفاده شدند. نتایج نشان داد متابولیت‌های تورین، سوکسینیک اسید، سیتریک اسید و گلیسرول در بازیکنان پیرامونی و لاکتات و آلانین در بازیکنان مرکزی زیادتر است. ازاین‌رو می‌توان نتیجه گرفت تکیهٔ بازیکنان پیرامونی بر مسیرهای هوازی و بازیکنان مرکزی بر مسیرهای بی‌هوازی زیادتر است. همچنین به‌نظر می‌رسد تولید گونه‌های فعال اکسیژن در بازیکنان پیرامونی زیادتر است.

واژه‌های کلیدی

پایش بیوشیمیایی، متابونومیکس، متابولیت، متابوآنالیست.

*- نویسنده مسئول : تلفن: ۰۹۱۲۳۳۵۱۸۷۲

Email : aagaeini@ut.ac.ir

مقدمه

موفقیت در ورزش می‌تواند تحت تأثیر عوامل متعددی قرار گیرد که مهم‌ترین آن، تمرین مطلوب و باکیفیت است (۱). به حد مطلوب رساندن تمرین به معنای اتخاذ روشی برای افزایش سازگاری‌های فیزیولوژیایی ناشی از تمرین در رشتهٔ ورزشی موردنظر و کاهش آسیب‌ها و بیش‌تمرینی است. کلیدی‌ترین نکته در به‌حد مطلوب رساندن تمرین عبارت است از درک نیازهای بدنی و فیزیولوژیایی ورزش موردنظر و استفاده از این داده‌ها در طراحی تمرین (۲). پژوهش‌های جدید نشان می‌دهد بهترین روش شناسایی نیازهای فیزیولوژیایی ورزش، تجزیه‌وتحلیل مسابقه است، زیرا این ماهیت هر ورزش، قوانین و مقررات آن، تکنیک، تاکتیک و نوع حرکات مورد استفاده است که نیازهای فیزیولوژیایی آن رشته را تعیین می‌کند (۳). برای سنجش نیازهای فیزیولوژیایی، از شاخص‌های گوناگون زیر استفاده شده است: اکسیژن مصرفی (۴)، لاکتات خون (۶-۴)، تواتر قلبی (۷-۱۲) و شاخص ساده‌ای مثل مقیاس درک فشار (۱۷-۱۳). به‌دلیل ضرورت استفاده از گاز آنالایزرو[1] محدودیتی که این وسیله در اجرای حرکات ایجاد می‌کند و از آنجا که استفاده از آن در مسابقات غیرقانونی است، تنها یک مطالعه از اکسیژن مصرفی استفاده کرده است. از سوی دیگر، گزارش شده است استفاده از تواتر قلبی برای سنجش نیازهای فیزیولوژیایی در بسکتبال روش مؤثری نیست و بار تمرین را کمتر از مقدار واقعی برآورد می‌کند (۱۸). در ضمن از آنجا که بسکتبال ورزشی نزدیک به بیشینه است و بر متابولیسم بی‌هوازی تکیه دارد، هرگونه تغییر سریع در شدت تمرین، با سرعت کمتر تواتر قلبی همراه است و سبب می‌شود فشار تمرین هنگام استفاده از تواتر قلبی کمتر احساس شود (۱۹). همچنین نشان داده شده است همبستگی معناداری بین لاکتات عضله و خون وجود ندارد (۲۰). در ضمن ساده‌ترین مقیاس مورد استفاده نیز مقیاس درک فشار است که روشی کیفی است و اطلاعات دقیقی دربارهٔ تغییرات فیزیولوژیایی بدن به ارمغان نمی‌آورد.

به‌علاوه از شاخص‌های رفتاری، بیوشیمیایی، هورمونی و ایمنولوژیایی زیادی برای بررسی تأثیر تمرین بر فیزیولوژی بدن استفاده شده است (۲۱)، اما مطالعات نشان می‌دهند این روش‌ها نمی‌توانند تفاوت‌های فیزیولوژیایی ورزشکاران و گروه کنترل را قبل و بعد از تمرین دقیق و با جزئیات آشکار کنند (۲۲). از دیرباز در این‌گونه مطالعات چند متابولیت، عامل ترجمه‌ای یا پروتئین با توجه به پیشینهٔ پژوهش انتخاب و تغییرات آنها در اثر یک برنامهٔ ورزش خاص سنجیده می‌شود (۲۳). استفاده از چنین رویکردی هرچند برای پی بردن به مسیرهای فیزیولوژیایی در برخی موارد موفقیت‌آمیز بوده است (۲۴)، اما نمی‌تواند روشی بدون سوگیری، کامل و جامع برای شناسایی تغییرات ناشی از فعالیت ورزشی در تمامی مسیرهای متابولیکی و همهٔ متابولیت‌ها باشد (۲۵). دلیل آن فراوان و پیچیده بودن مسیرهای متابولیکی درگیر در ورزش است و برای پی بردن به ماهیت متابولیکی ورزش باید همهٔ مسیرها (مسیرهای شناخته‌شده و مسیرهای ناشناخته) در ارتباط با هم بررسی شوند، ولی با این روش فقط مسیرهای شناخته‌شده و یک یا چند متابولیت محدود از هر مسیر همزمان قابل بررسی است (۲۳).

برای حل این مشکلات، روشی جامع و معتبر که غیرتهاجمی یا کمتر تهاجمی باشد و بتواند همزمان تعداد زیادی متابولیت (صدها تا هزاران) را شناسایی و سنجش کند، می‌تواند کمک‌کننده باشد تا بتوان همهٔ مسیرهای متابولیکی شناخته‌شده و ناشناخته را با هم مطالعه کرد و روش یکسانی برای استفاده در همهٔ پژوهش‌های متابولیسم ورزشی ارائه کرد (۲۵). نشان داده شده است بدین‌منظور

1 . Gas Analyzer

می‌توان از ترکیب یک روش جداسازی شیمیایی قوی در کنار تحلیل چندمتغیرهٔ داده‌های به‌دست‌آمده از نمونه‌های بیولوژیایی مانند مایعات بدن (سرم، پلاسما، اوره یا بزاق) یا بافت‌های گوناگون برای شناسایی و مقایسهٔ تغییرات صدها متابولیت بدن در اثر فعالیت ورزشی استفاده کرد (۲۵). این روش به‌تازگی کشف شده و متابولومیکس نامیده می‌شود (۲۶). پوجانن[1] و همکاران (۲۰۱۵)، متابولومیکس را روشی جامع و کمی برای سنجش متابولیت‌های کوچک با وزن کمتر از ۱۵۰۰ کیلودالتون در نمونه‌های زیستی معرفی کرده‌اند (۲۷). متابولومیکس اولین‌بار در سال ۲۰۰۷ در پژوهش‌های ورزشی استفاده شد (۲۵). در یکی از جدیدترین مطالعات متابولومیکس ورزشی هوو[2] و همکاران (۲۰۱۸)، نیمرخ متابولیکی ۹ دوندهٔ فوق‌ماراتون را پس از دویدن ۸۰/۵ کیلومتر بررسی کردند. بعد از پایان مسابقه، تعداد زیادی از اسیدهای آمینه کاهش یافت و متابولیسم اسیدهای چرب با افزایش تولید اسید چرب‌های غیراشباع زنجیره متوسط و اسید چرب‌های نسبتاً اکسیدشده و ترکیب‌شده با کارنیتین تغییر کرد (۲۸). در مطالعه‌ای دیگر در همین سال الخلایفی[3] و همکاران، کل ورزش‌ها را به چهار دسته تقسیم کردند و نیمرخ متابولیکی ۱۹۱ ورزشکار نخبهٔ این چهار دسته مطالعه شد. در این مطالعه، ۷۴۳ متابولیت شناسایی شد که از بین آنها آمینو اسیدهای گاما گلوتامیل[4] در ورزش‌های بیشتر توانی و بیشتر استقامتی در مقایسه با همتاهای کمتر توانی و کمتر استقامتی خود در حد معناداری کاهش داشته است که چرخهٔ فعال گلوتاتین را در این ورزشکاران نشان می‌دهد (۵۵).

با وجود تلاش‌های یادشده، تاکنون تغییرات متابولیکی ورزش بسکتبال مطالعه نشده است. از سوی دیگر، متابولومیکس به‌عنوان کامل‌ترین روش مطالعهٔ متابولیسم، می‌تواند کوچک‌ترین تغییرات متابولیکی را نشان دهد و بستری را فراهم می‌سازد که همهٔ تغییرات متابولیکی در ارتباط با هم بررسی شوند. همچنین تفاوت‌های متابولیکی بارزی در پنج پست گوناگون بسکتبال وجود دارد که باید تغییرات آنها نیز بررسی شود. بنابراین، هدف از این مطالعه مقایسهٔ تغییرات متابولیکی بازیکنان مرکزی و پیرامونی در یک مسابقهٔ بسکتبال با استفاده از متابولومیکس بود. نتایج این مطالعه می‌تواند اطلاعات بسیار مفیدی دربارهٔ تفاوت متابولیکی بین پست‌های مختلف در بسکتبال به‌دست دهد. این اطلاعات می‌تواند کلید طلایی تخصصی کردن تمرین براساس پست بازیکنان باشد تا بتوان براساس اصل ویژگی تمرین، انتقال سازگاری‌ها، از تمرین به مسابقه را به حداکثر رساند.

روش پژوهش

آزمودنی‌ها

آزمودنی‌های پژوهش شامل ۵ بازیکن اصلی ۱۴ تیم بسکتبال (در مجموع ۷۰ بازیکن) بودند که در سال ۹۶ در مسابقات لیگ امید، ملی یا لیگ برتر شرکت داشتند. پس از تماس با سرپرست‌های کل تیم‌های شرکت‌کننده در این ۳ لیگ، ۲۰ تیم اعلام آمادگی کردند که از این بین ۱۴ تیم شرایط ورود به پژوهش را داشتند. شرط ورود به شرح زیر بود: ۵ بازیکن اصلی هر تیم دست‌کم ۳ سال سابقهٔ شرکت در مسابقات سوپر لیگ یا دسته یک را داشته باشند. همچنین آزمودنی‌ها سابقهٔ بیمارهای متابولیک، اختلالات ژنتیکی و سایر بیمارهای تأثیرگذار بر روند فیزیولوژیایی و متابولیک بدن را نداشتند. به‌علاوه، از آزمودنی‌ها خواسته شد یک ماه قبل از اجرای آزمون از کمک‌های ارگوژنیک استفاده نکنند. همچنین بازیکنان خارجی تیم‌ها از روند پژوهش خارج شدند. در جلسهٔ هماهنگی با مربیان،

1 . Pohjanen
2 . Howe
3 . Al-Khelaifi
4 . Gamma-Glutamyle

سرپرست‌ها و بازیکنان تیم‌ها، روند اجرای پژوهش کامل توضیح داده شد و از مربیان خواسته شد ۳ روز قبل از مسابقه حجم تمرین را تا ۵۰ درصد کاهش دهند تا از تداخل‌های فیزیولوژیایی جلوگیری شود. آزمودنی‌ها پرسشنامه و سابقهٔ پزشکی و نیز فرم رضایت‌نامهٔ شرکت در آزمون را قبل از شرکت در پژوهش تکمیل و امضا کردند. ۵ بازیکن اصلی این ۱۴ تیم در ۷ مسابقه (دو تیم در هر مسابقه) آنالیز شدند.

روند اجرای پژوهش

پس از شناسایی تیم‌ها و بازیکنان (آزمودنی‌ها)، زمان و مکان برگزاری مسابقات تعیین شد. این مسابقات رسمی و مطابق با قوانین فدراسیون بین‌المللی بسکتبال[1] (FIBA) برگزار شد. هر بازی ۴ کوارتر ۱۰ دقیقه‌ای داشت که بین کوارترهای اول، دوم، سوم و چهارم، بازیکنان ۲ دقیقه و بین کوارترهای دوم و سوم، ۱۵ دقیقه استراحت کردند. بازیکنان پس از رسیدن به سالن از خوردن هرگونه مادهٔ خوراکی به‌جز آب منع شدند تا تداخل بین واکنش‌های متابولیکی دهان و تأثیر آنها بر بزاق کنترل شود. برای جلوگیری از دهیدراسیون، بازیکنان ۲۰۰ میلی‌لیتر آب قبل از شروع بازی و ۲۰۰ میلی‌لیتر دیگر در هر نیمه نوشیدند (۲۹). آزمودنی‌ها ۳۰ دقیقه نشسته استراحت کردند تا تغییرات متابولیکی ناشی از فعالیت‌های روزانه به حالت پایه برگردد. سپس آزمودنی‌ها پروتکل گرم کردن استاندارد را شامل دویدن، دریبل، شوت و پاس انجام دادند (۲۹) و مسابقه آغاز شد. ۵ بازیکن اصلی هر تیم ۴۰ دقیقه کامل بازی کردند و اجازهٔ تعویض داده نشد تا فشار متابولیکی واقعی یک بازی بسکتبال (که ۴۰ دقیقه به طول می‌انجامد)، مطالعه شود. نمونهٔ بزاق پس از اتمام بازی گرفته شد. همچنین قد و وزن آزمودنی‌ها سنجیده و اطلاعات شخصی آنها نیز ثبت شد. نمونه‌گیری بزاق این‌گونه بود که آزمودنی‌ها به مدت ۲ دقیقه آب دهان خود را وارد فالکون ۱۵ میلی‌لیتری می‌کردند. حداقل میزان بزاق مورد نیاز در هر بار نمونه‌گیری ۳ میلی‌لیتر بود. همهٔ نمونه‌های بزاقی در نیتروژن مایع قرار داده شد و در پایان هر مسابقه به آزمایشگاه پروتئومیکس پژوهشگاه ابن‌سینا واقع در دانشگاه شهید بهشتی انتقال یافت و تا زمان اتمام نمونه‌گیری‌ها و آنالیز در دمای ۸۰- نگهداری شد.

به‌دلیل جابه‌جایی‌هایی که هنگام بازی بین پست‌های مشابه انجام می‌گیرد، در این مطالعه همانند مطالعهٔ اسکانلن و همکاران (۲۰۱۲)، بازیکنان پست‌های ۱ و ۲ به‌عنوان بازیکنان پیرامونی (backcourt) و بازیکنان پست‌های ۳ و ۴ و ۵ به‌عنوان بازیکنان مرکزی (frontcourt) درنظر گرفته شدند (۳۰) و تغییرات متابولیکی پست‌های گوناگون بازیکنان پیرامونی (به‌عنوان یک گروه) و بازیکنان مرکزی (به‌عنوان یک گروه) با هم مقایسه شد.

نحوهٔ سنجش تغییرات متابولیکی با روش متابولومیکس

در این مطالعه از HNMR[2] برای سنجش تغییرات متابولیکی یا متابولومیکس استفاده شد. در زیر مراحل آماده‌سازی نمونه، گرفتن طیف از دستگاه و پیش‌پردازش داده‌ها توضیح داده شده است.

آماده‌سازی نمونه و گرفتن طیف‌های HNMR از طریق CPMG

پس از اتمام نمونه‌گیری، نمونه‌ها در دمای اتاق قرار داده شد تا به حالت مایع برگردند. سپس با سرعت ۱۰۰۰۰ دور در دقیقه و در دمای ۴ درجهٔ سانتی‌گراد به مدت ۲۰ دقیقه سانتریفیوژ شدند تا پروتئین‌ها و ماکرومولکول‌ها از نمونه‌ها حذف شوند. بعد از سانتریفیوژ، سوپرناتانت حذف و باقی‌ماندهٔ نمونه به میکروتوپ منتقل شد و به‌سرعت به دانشگاه صنعتی شریف برای قرار دادن در دستگاه HMNR

1 . International Basketball Federation

2 . Hydrogen Unclear Magnetic Resonance

انتقال یافت. پس از انتقال نمونه‌ها به دانشگاه شریف، بلافاصله ۴۵۰ میکرولیتر از نمونه در ۱۵۰ میکرولیتر حلال D_2O (برای لاک کردن دستگاه) حل شده و در لوله‌های ۵ میلی‌متری با کیفیت بالا (مخصوص دستگاه NMR) ریخته شد و در دستگاه 500 MHz Bruker DRX HNMR قرار داده شد تا به روش CPMG طیف‌گیری شود. برای همهٔ نمونه‌ها توالی پالس پژواک- اسپین CPMG گرفته شد. CPMG، رزونانس پهن ترکیبات با وزن مولکولی بالا از جمله پروتئین‌ها را کاهش می‌دهد و سبب می‌شود مشاهدهٔ ترکیبات با وزن مولکولی پایین از جمله متابولیت‌ها آسان شود (۳۱). همهٔ طیف‌ها به متیل لاکتات (سیگنال دوتایی در ۱/۳۳ppm) ارجاع داده شدند. سایر پارامترها بدین‌شرح بودند: دمای ۲۹۸ کلوین (K)، تعداد اسکن ۱۵۴، پهنای پیک ۲۶ Hz /۸۳۸۹ و زمان پالس ۲s.

آماده‌سازی طیف‌های HNMR ویژهٔ آنالیز آماری و شناسایی متابولیت‌ها

برای مشاهده و آماده‌سازی طیف‌ها از نرم‌افزار مسترنوا استفاده شد. با توجه به مطالعهٔ مارتین[1] و همکاران (۲۰۱۸)، این نرم‌افزار پرکاربردترین نرم‌افزار در زمینهٔ HNMR متابولومیکس است (۳۲). برای آماده‌سازی طیف‌ها ابتدا پیک آب حذف شد، زیرا پیک بسیار بزرگی است و در صورت وجود سایر پیک‌ها غیرقابل تشخیص‌اند. سپس، تصحیح پایه[2] انجام گرفت. در مرحلهٔ بعد نیز نرمال کردن و همترازی[3] طیف‌ها انجام گرفت. پس از همترازی، همهٔ طیف‌ها به شکل عدد درآمد و وارد اکسل شد. هر نمونه شامل ردیفی از ۴۰۸ عدد بود. با توجه به دستورالعمل نرم‌افزار متابوآنالیست[4]، داده‌ها در فایل اکسل مرتب و برای آنالیز آماری در این نرم‌افزار آپلود شد. متابوآنالیست برنامه‌ای تحت وب (www.metaboanalyst.ca) و رایگان در دسترس است. مراحل پردازش داده‌ها با توجه به مقالهٔ چونگ[5] و همکاران (۲۰۱۸) (۳۳) که طراحان نرم‌افزار هستند، انجام گرفت و در نهایت از آزمون‌های آنالیز آماری چندمتغیره PCA و PLSDA برای تعیین بین[6] های متفاوت استفاده شد. هر بین به متابولیت خاصی اختصاص دارد. پس از شناسایی بین‌ها، با وارد کردن آنها به سایت متابولوم انسان (http://www.hmdb.ca) متابولیت‌های موردنظر شناسایی شدند. سپس، برای شناسایی مسیرهای متابولیکی که این متابولیت‌ها در آنها درگیرند و تجزیه‌وتحلیل آنها، متابولیت‌های شناسایی‌شده مجدداً وارد سایت متابوآنالیست شد.

تجزیه‌وتحلیل آماری

تجزیه‌وتحلیل داده‌های متابولومیکس با آزمون‌های PCA[7] و PLSDA[8] و در نرم‌افزار متابوآنالیست انجام گرفت. همچنین، پارامترهای روایی‌سنجی (R^2X, R^2Y, Q^2y) سنجیده شد تا قدرت و پیش‌بینی‌پذیری مدل‌ها آزمایش شود و فقط مدل‌های با روایی بالا در آنالیزها استفاده شد.

نتایج

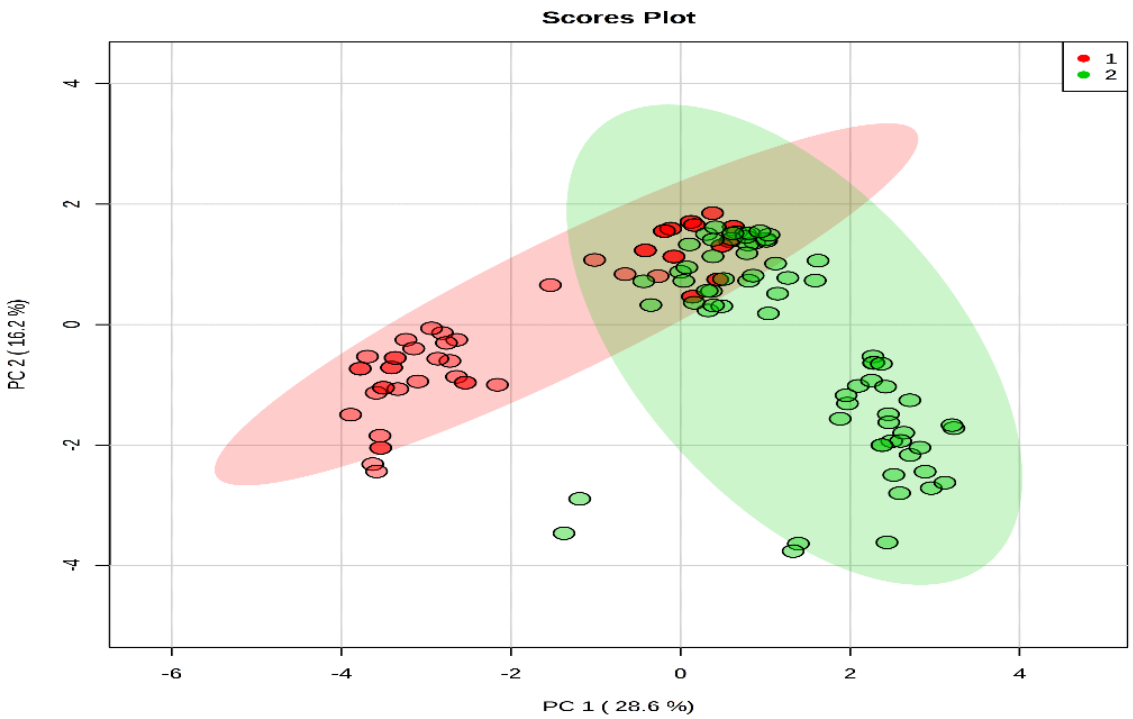
ویژگی‌های توصیفی آزمودنی‌ها در جدول ۱ ارائه شده است.

1. Martin
2. Baseline correction
3. Alignment
4. Metaboanalyst
5. Chong
6. Bin
7. Principal component analysis
8. Partial Least Squares Discriminant Analysis

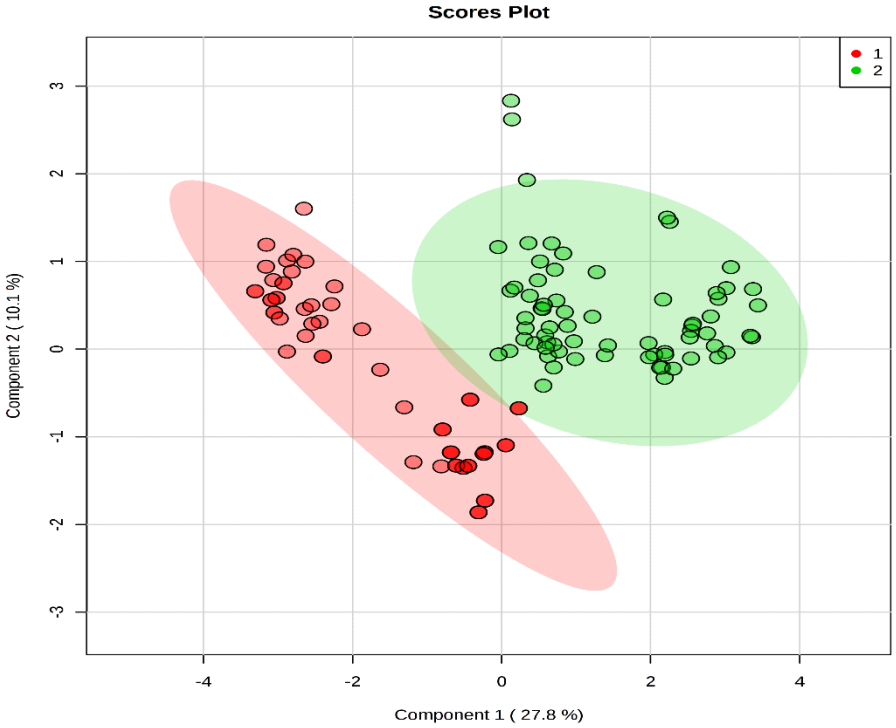
جدول ۱. ویژگی‌های توصیفی آزمودنی‌ها (میانگین ± انحراف معیار)

سن (سال)	قد (سانتی‌متر)	وزن (کیلوگرم)	چربی بدن (درصد)	شاخص تودهٔ بدن (کیلوگرم/متر مربع)	سابقهٔ بازی در سوپرلیگ و دسته یک (سال)
۲۴/۵±۲/۳	۱۹۲/۱۲±۴۱/۳۲	۸۸/۶±۶۸/۴	۱۰/۱±۹/۳	۲۴/۰±۱/۸	۴/۳±۱/۲

پلات آزمون PCA در شکل ۱ ارائه شده است. با توجه به شکل این آزمون توانسته متابولیت‌های بازیکنان پیرامونی و مرکزی را تا حدی تمیز دهد. اما برای تجزیه‌وتحلیل دقیق‌تر از آزمون PLSDA استفاده شد. PCA، آزمونی کنترل‌نشده، اما PLSDA آزمونی کنترل‌شده است و قدرت تمیز خیلی زیادتری دارد. در مطالعات متابولومیکس از هر دو روش استفاده می‌شود. پلات دوبعدی آزمون PLSDA نیز در شکل ۲ نشان داده شده است. این پلات نشان می‌دهد تغییرات متابولیکی این دو دسته در حد معنادار متفاوت‌اند.



شکل ۱. پلات آزمون PCA



شکل ۲. پلات آزمون PLSDA

پس از مشاهدهٔ تمایز دو گروه با توجه به نتایج آزمون PLSDA، متابولیت‌هایی که دست‌کم دو برابر تغییر کرده‌اند، شناسایی شدند که در جدول ۲ ارائه شده‌اند.

جدول ۲. متابولیت‌های با تغییرات دست‌کم دو برابر

متابولیت‌هایی که در بازیکنان پیرامونی زیادتر بودند	تورین، سوکسینیک اسید، سیتریک اسید، گلیسرول
متابولیت‌هایی که در بازیکنان مرکزی زیادتر بودند	لاکتات، آلانین

بحث

نتایج نشان می‌دهد تورین، سوکسینیک اسید، سیتریک اسید و گلیسرول در بازیکنان پیرامونی و لاکتات و آلانین در بازیکنان مرکزی در حد معناداری زیادتر بوده است. به‌نظر می‌رسد این پژوهش اولین مطالعه‌ای باشد که از متابولومیکس برای بررسی تفاوت پاسخ‌های متابولیکی بازیکنان در یک مسابقهٔ بسکتبال استفاده می‌کند. بنابراین، پژوهش مشابهی برای مقایسهٔ نتایج وجود ندارد. در نتیجه متابولیت‌ها به تفکیک بررسی می‌شوند. تورین، فراوان‌ترین ترکیب شبیه به اسید آمینه اسید در عضلات و سایر ارگان‌هاست (۳۴). عضله این ترکیب را بر اثر افزایش گونهٔ فعال اکسیژنی[1] و برای کنترل فشار اسمزی به داخل خون رها می‌کند. بنابراین، با افزایش گونهٔ فعال اکسیژنی در پاسخ به فعالیت ورزشی (بسکتبال در این پژوهش)، تورین نیز توسط عضلات وارد خون می‌شود (۳۴). را[2] و همکاران نیز افزایش تورین را در پاسخ به ۳ مسابقهٔ پی‌درپی فوتبال

1. Reactive Oxygen species

2. Ra

گزارش کرده‌اند (۳۴). این نتیجه در پژوهش‌های پکلیوانیس و همکاران (۲۰۱۵) (۳۵) و کیم و همکاران (۲۰۱۵) (۳۶) نیز گزارش شده است. نتایج مطالعات نشان می‌دهد بازیکنان پیرامونی مقدار تورین زیادتری دارند. به‌نظر می‌رسد دلیل آن دوندگی زیادتر بازیکنان پیرامونی و احتمالاً تکیهٔ بیشتر بر دستگاه هوازی، استرس اکسایشی و در نتیجه تولید گونه‌های فعال اکسیژنی است. بنابراین، در این بازیکنان تورین زیادتری برای کنترل فشار اسمزی وارد خون شده است. نتایج سوکسینیک اسید و سیتریک اسید نیز زیادتر بودن این دو متابولیت در بازیکنان پیرامونی را نشان می‌دهد که استفادهٔ زیادتر بازیکنان پیرامونی از دستگاه هوازی را تأیید می‌کند. هر دو متابولیت میانجی‌های چرخهٔ کربس به‌شمار می‌روند و افزایش آنها به احتمال قوی ریشه در گسترش فراوانی میانجی‌های چرخهٔ کربس به‌دلیل فعالیت زیاد مسیرهای متابولیسم هوازی دارد (۳۷). پاتریکا و همکاران (۲۰۱۷)، افزایش این دو متابولیت را بعد از ۴ نوبت ۱۰ تکراری حرکت پرس پای با شدت ۷۰ درصد 1RM در مردان سالم گزارش کردند (۳۸). نتایج پژوهش حاضر همچنین با نتایج موخرج و همکاران (۲۰۱۴) (۳۹)، پیکه و همکاران (۲۰۱۴) (۴۰) و پکلیوانیس و همکاران (۲۰۱۰) (۴۱) همسوست. اما نتیجهٔ جالب مطالعهٔ پکلیوانیس و همکاران (۲۰۱۵) این است که پس از انجام پروتکل تمرین (۳ نوبت دویدن مسافت ۸۰ متری با بالاترین سرعت ممکن با تناوب‌های استراحتی ۱۰ دقیقه‌ای بین نوبت اول و دوم و ۱۰ ثانیه بین نوبت دوم و سوم)، از ۵ میانجی شناسایی‌شدهٔ چرخهٔ کربس، سیترات و سوکسینات کاهش و فومارات افزایش یافت و ۲ اگزوگلوتارات و اگزالواستات تغییر نکردند (۳۵). دلیل تضاد نتایج مطالعهٔ پکلیوانیس با مطالعهٔ ما، احتمالاً تفاوت پروتکل‌های فعالیت ورزشی است. با وجود این، پکلیوانیس و همکاران اشاره کرده‌اند دلیل کاهش سوکسینات احتمالاً افزایش فعالیت سوکسینات دهیدروژناز است که سبب تبدیل آن به فومارات می‌شود. دلیل این کاهش را نیز اختلال عملکرد کلیه در اثر اسیدوز ناشی از فعالیت ورزشی دانسته‌اند (۳۵).

گلیسرول، متابولیت دیگری است که در بازیکنان پیرامونی در حد معناداری زیادتر است. گلیسرول، مولکولی است که از تجزیهٔ تری آسیل گلیسرول حاصل می‌شود و شاخص لیپولیز درنظر گرفته می‌شود (۴۲). همچنین می‌تواند توسط آنزیم گلیسرول کیناز به گلیسرول ۳ فسفات تبدیل و وارد مسیر گلوکونئوژنز شود. هنگام فعالیت ورزشی به‌دلیل تحلیل رفتن گلیکوژن عضلانی لیپولیز و گلوکونئوژنز-هر دو- زیادتر شده است و افزایش گلیسرول تأیید این ادعاست. نتایج همهٔ مطالعات، افزایش گلیسرول را پس از فعالیت ورزشی تأیید کرده‌اند (۴۴،۴۳). چنانکه اشاره شده، به‌نظر می‌رسد بازیکنان پیرامونی دوندگی زیادتری دارند و در نتیجه ذخایر گلیکوژن آنها بیشتر تحلیل رفته است. همچنین از آنجا که در مقایسه با پست‌های مرکزی از مسیرهای هوازی زیادتر استفاده می‌کنند، افزایش لیپولیز نیز طبیعی به‌نظر می‌رسد.

در فعالیت‌های ورزشی شدید تقریباً ۸۰ درصد انرژی از راه دستگاه بی‌هوازی (با لاکتیک و بدون لاکتیک) فراهم می‌شود که موجب انباشت فراورده‌های گلیکولیز مانند لاکتات می‌شود. نتایج پژوهش حاضر لاکتات زیادتری را در بازیکنان مرکزی نشان می‌دهد. به‌نظر می‌رسد به‌دلیل درگیرهای بدنی شدید در زیر حلقه، متابولیسم بی‌هوازی نقش زیادتری در بازیکنان مرکزی دارد و به همین دلیل، مقدار لاکتات در این بازیکنان زیادتر است. نتایج این پژوهش در دادهٔ لاکتات با نتایج بیشتر پژوهش‌ها همسوست (۳۵،۴۱). اما با نتایج پژوهش‌های گلن و همکاران (۲۰۱۵)(۴۵) و هافمن و همکاران (۲۰۱۴)(۳۴) مغایر است. به‌نظر می‌رسد دلیل این ناهمسویی، آزمودنی‌ها و نوع پروتکل پژوهش‌ها باشد، زیرا در هر دو این پژوهش‌ها

آزمودنی‌ها دارایی اضافه وزن یا چاق بودند، اما در پژوهش حاضر آزمودنی‌ها بسکتبالیست‌های نخبه بودند.

آلانین متابولیتی است که در بازیکنان مرکزی در حد معناداری زیادتر است. پژوهش‌های پکلیوانیس و همکاران (۲۰۱۵)(۳۵)، پیکه و همکاران (۲۰۱۴) (۴۰)، برتون و همکاران (۲۰۱۷)(۳۸)، هافمن و همکاران (۲۰۱۴)(۳۴)، را و همکاران (۲۰۱۴) (۴۶) و زفریدیس و همکاران (۲۰۱۶)(۳۷) نیز افزایش آلانین را گزارش کرده‌اند. اما در پژوهش موخرج و همکاران (۲۰۱۴) (۳۹)، مقدار آالانین بعد از یک جلسه تمرین استقامتی تفاوت معناداری نداشته است. به‌نظر می‌رسد مسن بودن آزمودنی‌ها و پروتکل متفاوت، دلیل تضاد نتایج پژوهش موخرج با پژوهش ما باشد. دو توجیه احتمالی برای افزایش آلانین وجود دارد؛ اول اینکه آلانین از پیش‌سازهای گلوکونئوژنز است. آلانین از ترانس آمیناسیون پیروات از طریق آنزیم آلانین ترانس آمیناز به‌دست می‌آید. سپس، وارد جریان خون شده و از آنجا وارد کبد می‌شود تا در آنجا به پیرووات و سپس گلوکز تبدیل شود که این فرایند را چرخهٔ آلانین-گلوکز می‌نامند (۳۸). اما وظیفهٔ دیگر آلانین انتقال آمونیاک به کلیه است تا از این طریق این مادل سمی از بدن دفع شود. هنگام تمرین و مسابقه به‌دلیل دآمیناسیون آدنوزین منوفسفات و BCAA[1] ها مقدار آمونیاک در عضلات فعال افزایش می‌یابد، بنابراین می‌تواند افزایش آلانین را به‌نوعی توجیه کند (۳۸). احتمالاً استفاده از BCAAها در بازیکنان مرکزی زیادتر بوده است و از آنجا که آلانین وظیفهٔ حمل آمونیاک ناشی از متابولیسم این نوع اسیدهای آمینه را بر عهده دارد، مقدار آن در بازیکنان پیرامونی افزایش زیادتری داشته است.

به‌طور کلی، یافته‌های این پژوهش نشان می‌دهد تکیهٔ بازیکنان پیرامونی بر مسیرهای هوازی و بازیکنان مرکزی بر مسیرهای بی‌هوازی زیادتر است. همچنین به‌نظر می‌رسد تولید گونه‌های فعال اکسیژن در بازیکنان پیرامونی زیادتر است. بنابراین پیشنهاد می‌شود برنامهٔ تمرینی بازیکنان پیرامونی با تکیهٔ زیادتر بر تمرینات هوازی و بازیکنان مرکزی با تکیهٔ بیشتر بر تمرینات بی‌هوازی طراحی شود. همچنین به‌نظر می‌رسد تقویت دستگاه آنتی‌اکسیدانی در بازیکنان پیرامونی می‌تواند بهبود عملکرد بارزی را به‌همراه داشته باشد. پیشنهاد می‌شود در پژوهش‌های آینده تفاوت بین تغییرات متابولیکی کوارترهایی مختلف بررسی شود. به‌علاوه، بررسی تغییرات متابولیکی در بسکتبالیست‌های زن می‌تواند تفاوت‌های جنسیتی را مشخص کند تا این عامل نیز هنگام به‌کارگیری نتایج پژوهش‌های این‌چنینی، درنظر گرفته شود.

تشکر و قدرانی

این مطالعه حاصل طرح پژوهشی شمارهٔ ۹۵۸۴۹۱۲۱ ثبت‌شده در صندوق حمایت از پژوهشگران نهاد ریاست جمهوری (INSF) است، ازاین‌رو از حمایت مالی و معنوی این ارگان سپاسگزاریم.

1 . Brain Chain Amino Acid

منابع و مآخذ

1. Hůlka K, Cuberek R, Bělka JJAG. Heart rate and time-motion analyses in top junior players during basketball matches. 2013;43(3):27-35.
2. Torres-Ronda L, Ric A, Llabres-Torres I, de las Heras B, i del Alcazar XSJTJoS, Research C. Position-dependent cardiovascular response and time-motion analysis during training drills and friendly matches in elite male basketball players. 2016;30(1):60-70.
3. Abdelkrim NB, Castagna C, Jabri I, Battikh T, El Fazaa S, El Ati JJTJoS, et al. Activity profile and physiological requirements of junior elite basketball players in relation to aerobic-anaerobic fitness. 2010;24(9):2330-42.
4. Castagna C, Impellizzeri FM, Chaouachi A, Ben Abdelkrim N, Manzi V. Physiological responses to ball-drills in regional level male basketball players. Journal of sports sciences. 2011;29(12):1329-36.
5. Abdelkrim NB, Castagna C, El Fazaa S, El Ati J. The effect of players' standard and tactical strategy on game demands in men's basketball. The Journal of Strength & Conditioning Research. 2010, 62-2652(10)24,10.
6. Marcelino PR, Aoki MS, Arruda AF, Freitas CG, Mendez-Villanueva A, Moreira A. Does small-sided-games’ court area influence metabolic, perceptual, and physical performance parameters of young elite basketball players?. Biology of sport. 2016 Mar;33(1):37.
7. Aoki MS, Ronda LT, Marcelino PR, Drago G, Carling C, Bradley PS, et al. Monitoring training loads in professional basketball players engaged in a periodized training program. The Journal of Strength & Conditioning Research. 2017;31(2):348-58.
8. Conte D, Favero TG, Niederhausen M, Capranica L, Tessitore A. Physiological and technical demands of no dribble game drill in young basketball players. The Journal of Strength & Conditioning Research. 2015;29(12):3375-9.
9. Conte D, Favero TG, Niederhausen M, Capranica L, Tessitore A. Effect of different number of players and training regimes on physiological and technical demands of ball-drills in basketball. Journal of sports sciences. 2016;34(8):780-6.
10. Klusemann MJ, Pyne DB, Hopkins WG, Drinkwater EJ. Activity profiles and demands of seasonal and tournament basketball competition. International journal of sports physiology and performance. 2013;8(6):623-9.
11. Puente C, Abián-Vicén J, Areces F, López R, Del Coso J. Physical and physiological demands of experienced male basketball players during a competitive game. Journal of strength and conditioning research. 2017;31(4):956-62.
12. Torres-Ronda L, Ric A, Llabres-Torres I, de las Heras B, i del Alcazar XS. Position-dependent cardiovascular response and time-motion analysis during training drills and friendly matches in elite male basketball players. The Journal of Strength & Conditioning Research. 2016;30(1):60-70.
13. Arruda AF, Aoki MS, Freitas CG, Drago G, Oliveira R, Crewther BT, et al .Influence of competition playing venue on the hormonal responses, state anxiety and perception of effort in elite basketball athletes. Physiology & behavior. 2014;130:1-5.

14. Leite GdS, Prestes J, Urtado CB, Marchetti PH, Padovani CR, Padovani CRP, et al . Objective and subjective variables for monitoring of different season cycles in basketball players. Revista Brasileira de Medicina do Esporte. 2012;18(4):229-33.
15. Manzi V, D'ottavio S, Impellizzeri FM, Chaouachi A, Chamari K, Castagna C. Profile of weekly training load in elite male professional basketball players. The Journal of Strength & Conditioning Research. 2010;24(5):1399-406.
16. Nunes JA, Moreira A, Crewther BT, Nosaka K, Viveiros L, Aoki MS. Monitoring training load, recovery-stress state ,immune-endocrine responses, and physical performance in elite female basketball players during a periodized training program. The Journal of Strength & Conditioning Research. 2014;28(10):2973-80.
17. Scanlan AT, Wen N, Tucker PS, Borges NR, Dalbo VJ. Training mode’s influence on the relationships between training-load models during basketball conditioning. International journal of sports physiology and performance. 2014;9(5):851-6.
18. Alexiou H, Coutts AJ. A comparison of methods used for quantifying internal training load in women soccer players. International Journal of Sports Physiology and Performance. 2008;3(3):320-30.
19. Lambert MI, Borresen J. Measuring training load in sports. International journal of sports physiology and performance. 2010 Sep;5(3):406-11.
20. Krustrup P, Mohr M, Steensberg A, Bencke J, KjÆr M, Bangsbo J. Muscle and blood metabolites during a soccer game: implications for sprint performance. Medicine and science in sports and exercise. 2006;38(6):1165-74.
21. Bogdanis GCJFip. Effects of physical activity and inactivity on muscle fatigue. 2012;3:142.
22. Yan B, Jiye A, Wang G, Lu H, Huang X, Liu Y, et al. Metabolomic investigation into variation of endogenous metabolites in professional athletes subject to strength-endurance training. 2009.
23. Egan B, Hawley JA, Zierath JRJCm. SnapShot: exercise metabolism. 2016;24(2):342-. e1.
24. Svensson MB, Ekblom B, Cotgreave IA, Norman B, Sjöberg B, Ekblom Ö, et al. Adaptive stress response of glutathione and uric acid metabolism in man following controlled exercise and diet. Acta physiologica scandinavica. 2002;176(1):43-56.
25. Pohjanen E, Thysell E, Jonsson P, Eklund C, Silfver A, Carlsson I-B, et al. A multivariate screening strategy for investigating metabolic effects of strenuous physical exercise in human serum. Journal of proteome research. 2007;6(6):2113-20.
26. Dunn WB, Bailey NJ, Johnson HEJA. Measuring the metabolome: current analytical technologies. 2005;130(5):606-25.
27. Fiehn O. Metabolomics—the link between genotypes and phenotypes. InFunctional genomics 2002 (pp. 155-171). Springer, Dordrecht.
28. Howe CC, Alshehri A, Muggeridge D, Mullen AB, Boyd M, Spendiff O, et al. Untargeted metabolomics profiling of an 80.5 km simulated treadmill ultramarathon. 2018;8(1):14.
29. Abdelkrim NB, Castagna C, El Fazaa S, Tabka Z, El Ati JJTJoS ,Research C. Blood metabolites during basketball competitions. 2009;23(3):765-73.

30. Scanlan AT, Dascombe BJ, Reaburn P, Dalbo VJ. The physiological and activity demands experienced by Australian female basketball players during competition. Journal of Science and Medicine in Sport. 2012;15(4):341-7.
31. Brown FF, Campbell ID, Kuchel PW, Rabenstein DC. Human erythrocyte metabolism studies by 1H spin echo NMR. FEBS letters. 1977;82(1):12-6.
32. Martin M, Legat B, Leenders J, Vanwinsberghe J, Rousseau R, Boulanger B, et al. PepsNMR for 1H NMR metabolomic data pre-processing. Analytica chimica acta. 2018;1019:1-13.
33. Chong J, Soufan O, Li C, Caraus I, Li S, Bourque G, Wishart DS, Xia J. MetaboAnalyst 4.0: towards more transparent and integrative metabolomics analysis. Nucleic acids research. 2018 May 14;46(W1):W486-94.
34. Huffman KM, Koves TR, Hubal MJ, Abouassi H, Beri N, Bateman LA, et al. Metabolite signatures of exercise training in human skeletal muscle relate to mitochondrial remodelling and cardiometabolic fitness. 2014;57(11):228.
35. Pechlivanis A, Papaioannou KG, Tsalis G, Saraslanidis P, Mougios V, Theodoridis GAJJopr. Monitoring the response of the human urinary metabolome to brief maximal exercise by a combination of RP-UPLC-MS and 1H NMR spectroscopy. 2015;14(11):4610-2.
36. Kim J, Banton S, Awad M, Yadalam A, Sher S, Tran V, et al. Training-related metabolic adaptations in American-style football participants. 2015;2(8):1048.
37. Zafeiridis A, Chatziioannou AC, Sarivasiliou H, Kyparos A, Nikolaidis MG, Vrabas IS, et al. Global metabolic stress of isoeffort continuous and high intensity interval aerobic exercise: a comparative 1H NMR metabonomic study. 2016;15(12):4452-63.
38. Berton R, Conceição MS, Libardi CA, Canevarolo RR, Gáspari AF, Chacon-Mikahil MPT, et al. Metabolic time-course response after resistance exercise: A metabolomics approach. 2017;35(12):1211-8.
39. Mukherjee K, Edgett BA, Burrows HW, Castro C, Griffin JL, Schwertani AG, et al. Whole blood transcriptomics and urinary metabolomics to define adaptive biochemical pathways of high-intensity exercise in 50-60 year old masters athletes. 2014;9(3):e92031.
40. Peake JM, Tan SJ, Markworth JF, Broadbent JA, Skinner TL, Cameron-Smith DJAJoP-E, et al. Metabolic and hormonal responses to isoenergetic high-intensity interval exercise and continuous moderate-intensity exercise. 2014;307(7):E539-E52.
41. Pechlivanis A, Kostidis S, Saraslanidis P, Petridou A, Tsalis G, Mougios V, et al. 1H NMR-based metabonomic investigation of the effect of two different exercise sessions on the metabolic fingerprint of human urine. 2010;9(12):6405-16.
42. Tiidus PM, Tupling AR, Houston ME. Biochemistry primer for exercise science: Human Kinetics; 2018.
43. Pechlivanis A, Kostidis S, Saraslanidis P, Petridou A, Tsalis G, Veselkov K, et al. 1H NMR study on the short-and long-term impact of two training programs of sprint running on the metabolic fingerprint of human serum. 2012;12(1):470-80.

44. Pohjanen E, Thysell E, Jonsson P, Eklund C, Silfver A, Carlsson I-B, et al. A multivariate screening strategy for investigating metabolic effects of strenuous physical exercise in human serum. 2007;6(6):2113-20.
45. Glynn EL, Piner LW, Huffman KM, Slentz CA, Elliot-Penry L, AbouAssi H, et al. Impact of combined resistance and aerobic exercise training on branched-chain amino acid turnover, glycine metabolism and insulin sensitivity in overweight humans. 2015;58(10):2324-35.
46. Ra S-G, Maeda S, Higashino R, Imai T, Miyakawa SJAP, Nutrition,, Metabolism. Metabolomics of salivary fatigue markers in soccer players after consecutive games. 2014;39(10):1120-6.

A Comparison of the Metabolic Changes in Backcourt and Frontcourt Players in a basketball Game Using Metabolomics

Keyvan Khoramipour[1] - Abbas Ali Gaeini[2*] - Elham Shirzad[3]
1.PhD in Exercise Biochemistry and Metabolism, Exercise Physiology Department, Faculty of Physical Education and Sport Sciences, University of Tehran, Tehran, Iran 2. Proffesor, Exercise Physiology Department, Faculty of Physical Education and Sport Sciences, University of Tehran, Tehran, Iran 3. Assistant Professor, Sport Medicine and Health Department, Faculty of Physical Education and Sport Sciences, University of Tehran, Tehran, Iran
(Received: 2019/01/12;Accepted: 2019/04/18)

Abstract

Recently, researchers have shown game simulation as the best way of training. On the other hand, there are various posts in basketball which have different physiological and training demands. Therefore, metabolic changes of backcourt and frontcourt players were investigated during a basketball game. 5 main players of 14 teams that participated in 2017 under 23 years of age, national or premier leagues were selected as the subjects. Players' saliva samples were collected after 40 minutes of a basketball game (with regard to the FIBA roles) and compared using metabolomics. HMNR was used for metabolomics and MestReNova and Metaboanalyst were applied for data analysis. PCA and PLSDA were used for statistical tests. Results showed that taurine, succinic acid, citric acid and glycerol metabolites were higher in backcourt players and lactate and alanine in frontcourt players. Therefore, it can be concluded that backcourt and frontcourt plays relay more on aerobic and anaerobic pathways repetitively. Also, it seems that active oxygen species production is more in backcourt players.

Keywords

Biochemical monitoring, metabonomics, metabolite, metaboanalyst

* Corresponding Author: Email: aagaeini@ut.ac.ir, Tel: +989123351872