# NMR 代谢分析
# 用于改善营养健康*

## 简介

以高钠、胆固醇、添加糖、饱和脂肪和低纤维摄入为特点的西方饮食方式，带来了诸多公共卫生隐患（O'Keefe et al., 2015）。这种膳食结构造成肥胖和非传染性疾病（NCD）——即不会人传人的疾病，如心脏病、癌症和糖尿病等——的患病风险上升。尤其需要关注的是中低收入国家，他们的高热量食物摄入量正在不断增加，并带来新的健康挑战，如 2 型糖尿病发病率的升高。而在高收入国家中，情况并没有更乐观，因为没有一个国家能成功扭转肥胖率的上升趋势。如果任其发展，NCD 患病率将会持续上升，并给医疗保健系统和经济造成额外负担。因此，我们迫切地需要更好的方法来解决这一问题。

近年来虽然在健康和营养领域取得了重大进展，但对个人饮食选择的了解仍然很少。这导致我们无法建立膳食与疾病之间的因果关系，也无法对公共卫生政策进行有效的评价。造成该问题的原因之一在于膳食数据不准确，即当前的数据收集方法存在缺陷。问卷调查和自我报告一直以来都是记录个人膳食种类和数量的主要手段。然而，依靠这种方式收集的数据往往是不准确的，因为人们很难如实报告自己的饮食习惯，也难以准确记录自己的膳食摄入量(Posma et al., 2020)。这使得制定公共卫生政策时所依赖的大数据集，以及用于评估膳食结构的方法，都需要改进。

## 核磁共振：评估饮食习惯的方法

质子核磁共振（$^1$H-NMR）波谱技术能够从一滴尿液中检测出数百种代谢物，为评估个人膳食结构提供了一种有效的方法。布鲁克 Avance IVDr 波谱仪（即带有布鲁克体液核核磁共振检测方法包 B.I.Methods 的 Bruker Avance III HD 600MHz），可以通过识别饮食相关的特征性代谢产物，在 10 分钟内生成个人的“饮食指纹”。通过将该饮食指纹与精心控制的饮食干预研究数据库进行匹配，可以推断和解释个人的整体饮食结构，从而优化饮食决策。和静脉采血等采样方法不同的是，尿样采集属于无创、方便和无痛的研究膳食的方法，更容易得到受试者的配合。伦敦帝国理工学院的研究人员（包括 Gary Frost 教授、Elaine Holmes 教授和 Isabel Garcia-Perez 博士）已在一项临床试验中验证了这项技术的有效性（Garcia-Perez et al., 2017）。共有 19 名受试者参与这项试验，每人被指定一种 25%、50%、75% 或 100% 符合世卫组织膳食指南的食谱，研究团队通过主动监视确保受试者完全遵循指定食谱。通过每次饮食前后采集的尿液样本生成代谢谱，然后通过主成分分析 (PCA) 解析 NMR 代谢谱。

在遵循健康饮食和不健康饮食的受试者之间，可以观察到明显的差异。根据他们的模型还能预测遵循中间饮食受试者的代谢特征，并追踪受试者在不同饮食之间切换时所产生的代谢变化。这项原理验证研究可证明，利用他们的模型能够准确地评估饮食的营养品质和跟踪日常饮食变化。

## $^1$H-NMR 对自由生活人群是否有效？

该模型的有效性通过自由生活的人群来评估：根据营养师给出的 DASH 饮食（用于改善高血压的饮食法）评分，这些人群被认为是健康的。分析显示，DASH 评分在大多数情况下能反映代谢特征，但有几名受试者出现了差异。例如，一名受试者称其大量食用了柑橘，而食用柑橘类水果会在尿液中产生一种特征性的脯氨酸甜菜碱生物标志物，然而其 NMR 谱图上并没有显示出该标志物的谱峰。

这表明存在错报或多报食谱的情况，也突出了实证检验法对于推断食谱更有效。为证明该模型能够用于追踪饮食习惯，该团队又组织了 28 名受试者进行了为期 6 个月的临床试验。与第一次试验一样，研究团队通过评估代谢情况来验证受试者是否遵循了符合 WHO 指南的食谱。结果显示，部分受试者没能遵循指定的食谱，其中许多人一开始承诺遵循食谱，但最终半途而废。
该团队甚至发现，来自同一家庭的不同受试者对于指定食谱的遵循程度也有不同。一项评估节食前后的肥胖人群的研究，为上述发现提供了进一步支持。并不是所有受试者的 DASH 评分都能与 NMR 谱图保持一致，只有不到 50% 的受试者做到始终坚持健康的饮食习惯。

## 个性化营养

虽然尚处于早期阶段，但基于 $^{1}$H-NMR 的代谢分析对于未来实现个性化营养具备极大的潜力。引人注目的是，它的核心假设挑战了一种长期坚持的理论，即一种食谱能够普遍地改善所有人的健康状况。通过证明个体的新陈代谢差异，上述研究团队揭示了这种膳食理论的缺陷（Garcia-Perez et al., 2020）。

当摄入的食物种类和数量都相同时，受试者排出的生物标志物数量却不同。除其它因素外，这种差异还可归因于每个人所特有的肠道菌群，也就是每个人都有自己独特的代谢潜能 (Holmes et al., 2008)。通过这些数据，该团队还可以量化健康膳食与不健康膳食之间的代谢差异，并制作出代谢反应网络图。通过这种方式，他们可以精准地描绘出每种代谢物在整个代谢网络中所发挥的作用，并探索出某种特定食物如何能够刺激有益的代谢活动。基于这种模型可以得出量身定制的食谱。

## 结论

通过布鲁克标准化的 NMR 代谢分析，结合强大的模型，可捕捉代谢的个体差异并识别导致非传染性疾病风险降低或升高的膳食结构，从而达成为普通个人定制食谱这一曾经不可能实现的目标。此外，通过持续不断的实证分析和建模，还可矫正目前使用的错误的饮食评估方法，从而帮助解决与饮食模式相关的日益严重的公共卫生问题。

*** 仅供研究使用，不能用于临床诊断过程。**

## 参考文献


[1] O'Keefe, S.J.D., et al. (**2015**) Fat, fibre and cancer risk in African Americans and rural Africans. **Nature Communications**, 6: 6342.
[2] Posma, J.M., et al. (**2020**) Nutriome–metabolome relationships provide insights into dietary intake and metabolism. **Nature Food**, 1 (7): 426.
[3] Garcia-Perez, I., et al. (**2017**) Objective assessment of dietary patterns by use of metabolic phenotyping: a randomised, controlled, crossover trial. **The Lancet Diabetes and Endocrinology**, 5 (3): 184.
[4] Garcia-Perez, I., et al. (**2020**) Dietary metabotype modelling predicts individual responses to dietary interventions. **Nature Food**, 1 (6): 355.
[5] Holmes, E., et al. (**2008**) Human metabolic phenotype diversity and its association with diet and blood pressure. **Nature**, 453 (7193): 396.


布鲁克 NMR 微信公众号


**布鲁克（北京）科技有限公司**
网址：www.bruker.com
E-mail: sales.bbio.cn@bruker.com
布鲁克应用技术咨询：
400-898-5858
布鲁克售后技术支持：
400-898-1088

**布鲁克（北京）科技有限公司**
北京市海淀区西小口路66号
中关村东升科技园B-6号楼C座8层
邮编：100192
电话：(010) 58333000
传真：(010) 58333299

**上海办公室**
上海市闵行区合川路
2570号1号楼9楼
邮编：200233
电话：(021) 51720800
传真：(021) 51720810

**广州办公室**
广州市海珠区新港东路
618号南丰汇6楼A12单元
电话：(020) 22365885/
(020) 22365886


© Bruker BioSpin 04/21 T183586