

Персонализирано (прецизно) хранене: наясно ли сме какво представлява?



Доц. Данаил Таков – ИБЕИ, БАН

Препоръките за хранене традиционно се основават на универсален подход, който предполага, че индивидуалните хранителни нужди, тенденции и реакции следват оптимизирани осреднени показатели, наблюдавани в изследваните популации. Развитието на стратегиите за персонализирано или прецизно хранене (ПХ) би подобрило разбирането за това, как факторите (вътрешни и външни за даден организъм) могат да предскажат дали това, което ядем, подкрепя или вреди на здравето ни и до каква степен.

ПХ се дефинира като съвременен подход към здравето, който включва създаване на персонализирани хранителни препоръки, базирани на уникалните биологични характеристики, екологични фактори и начин на живот на индивида, като генетика, микробиом, здравословно състояние и физическа активност. За разлика от традиционните, общи съвети, то използва подробна информация за оптимизиране на здравето, предотвратяване на заболявания и подобряване на терапевтичните подходи за всеки отделен човек. Всъщност, концепцията за персонализирано хранене е дългогодишно начинание, което за първи път е споменато от древните гърци, включително Хипократ („вашата храна е основата на вашето здраве“) и Гален („лични нагласи и уникални реакции към храната“), и оттогава се е развила, за да включи нутриомиката и

разработването на глобални инструменти за количествено определяне и категоризиране на индивидуалния хранителен прием. Връзките между храненето и благосъстоянието са многобройни и широкообхватни, като се отнасят както до поддържането на здравето, така и до превенцията и управлението на заболяванията. За да се приложат в действие индивидуализирани подходи за подобряване на здравето на населението и планетата, е необходимо измерване и оценка на хранителния прием. Крайната цел на ПХ е да се запази или подобри здравето и благополучието чрез диетични въздействия, продукти или услуги, които се възползват от специфичните колебания в човешките организми.

ПХ се дефинира като подход, при който комплекс от информация (генетична, метагеномна, физиологична, фенотипна, хранителна и друга) се използва за изготвяне на персонализирани хранителни съвети и подкрепа за всеки индивид

Хранителната генетика, или нутригенетиката, е определяна като изучаване на ефекта на генетичните вариации върху хранителния отговор. Нутриционната геномика, или нутригеномиката, се отнася до изучаването на ефекта на биоактивните хранителни компоненти върху генната експресия и функция, следователно върху протеома и метаболома. В този смисъл взаимодействията между хранителни вещества и генна експресия се определят като хранителен прием, оказващ влияние върху експресията на гени, които регулират критични метаболитни пътища. Това твърдение контрастира с нутригенетичните подходи, при които генотипът влияе върху хранителния отговор. Напредъкът в нутригеномиката осигурява по-добро разбиране на ролята на различните биоактивни храни и хранителни вещества върху метаболитните пътища и хомеостатичния контрол. Забележителни примери за такива пътища на взаимовръзка диета-ген-метаболитна хомеостаза включват ролята на захарите върху гена за свързващ протеин, отговарящ на въглехидратите (ChREBP), върху гликолизата, приема на мазнини върху рецепторите, активирани от пероксизомни пролифератори (PPAR), върху липидния метаболизъм

и протеините върху пътищата wGCN2/активиращ транскрипционен фактор 4 (ATF4) и mTORC1, които регулират липогенезата. Промените в тези пътища често са отговорни за появата на метаболитни нарушения като затлъстяване, инсулинова резистентност, диабет тип 2, сърдечно-съдови заболявания и рак.

Омиката или омичните науки (геномика, протеомика, метаболомика, метагеномика, феномика и транскриптомика) се занимават с колективното характеризиране и количествено определяне на цели набори от биологични молекули и изследването на това, как те влияят на структурата, функцията и динамиката на даден организъм или група организми. Омиките са група биологични области, които изучават цялата съвкупност от биологични молекули в организма, като гени (геномика), протеини (протеомика) и метаболити (метаболомика), РНК молекули (транскриптомика) и др. Еволюцията на „омикс“ технологиите и нововъзникващите анализи на големи групи данни задълбочиха разбирането и характеризирането на хроничните заболявания, свързани с храненето, чрез прилагане на машинно обучение и методите на изкуствения интелект. То се отнася до способността на алгоритмите и други стратегии за категоризация да правят изводи или да намират модели от статистически анализ на много големи набори от данни, което се изразява като вероятност за връзка между различни променливи. С други думи, машинно обучение предоставя техники, които могат автоматично да изградят изчислителен модел чрез обработка на наличните данни и оптимизиране на критериите за ефективност, зависими от проблема, които могат да се използват за изготвяне на

прогнози или класификации за усъвършенстван изследователски анализ на данни. По този начин, машинното обработване обхваща линейна и логистична регресия, категоризация на данни, изкуствени невронни мрежи, обучение по правилата за асоцииране, формулиране на характеристики и намаляване на размерността, базисно обучение и тестване на пътища от решения, анализ на главни компоненти и топологична оценка на данни. Тези подходи са способни да обработват големи и сложни матрици от данни, като включват потенциални взаимодействия и идентифицират както линейни, така и нелинейни връзки. Като цяло, произвеждането на модели с машинно обучение в различни области на приложение зависи от количеството, качеството, естеството и характеристиките на данните, сложността и формата на връзките между променливите и целевия

резултат, както и от прилагането на подходящи биоинформативни инструменти.

Извличането на ценни знания от „омикс“ данни остава предизвикателство в биоинформатиката, често изискващо по-иновативни методи за ефикасна обработка и ефективни резултати. В това отношение, машинното обучение (МО) играе основна роля в интегрирането и интерпретацията на мулти-„омикс“ техники в изследванията на храненето (включително геномика, епигеномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика и метагеномика), тъй като те могат да бъдат използвани за компютърно моделиране, извличане на данни, клъстериране на проби и класификация в отговор на хранителния прием. Комбинацията от тези инструменти може да бъде преведена в практически клинични приложения в храненето, като например схеми за подпомагане на вземането на решения и оптимизиране на диетата. МО би могло да улесни анализа на много сложни характеристики, допринасяйки за разработването на високоефективни прецизни препоръки за хранене. Проучвания в областта на хранителната геномика разкриват връзки между генетични фактори и метаболитни реакции към храната, хранителни нужди, хранителни предпочитания и фактори за заболявания. По-специално, обещаващи резултати от изследванията подкрепят прогностичния потенциал на оценките на чревния микробиом и метаболома – наред с други фактори – и показват индивидуалните, но гъвкави качества на нашата биология.

Докато въвеждаме нови перспективи към многобройните измерения на храната и здравето, ние също така преодоляваме някои от бариерите, създадени от

Ключови характеристики на персонализираното (прецизното) хранене

<i>Персонализирани</i>	индивидуалните данни се събират и използват като входни данни
<i>Надеждни</i>	получените препоръки са свързани с подобряване на резултатите
<i>Базиран на доказателства</i>	подкрепени са от научни доказателства и надеждна методология
<i>Комплексни</i>	научно-експертните знания и подходи са ключови за разработването му
<i>Интегративни</i>	вътре- и междуиндивидуалните вариабилности зависят от множество прогнозни данни
<i>Систематични</i>	данните се събират, анализират и представят систематично
<i>Развиващи се</i>	с промените в индивида и/или появата на допълнителни данни се развиват динамични препоръки

досегашното знание за храненето. В този контекст, ПХ тласка към ангажирането чрез научно базирани подходи към по-персонализирани, предсказуеми и интегративни посоки с цел разбиране на това, как природата и храненето взаимодействат, за да оформят нашето здраве и благополучие.



Подходът на прецизното хранене: няма еднакъв калъп за всички

Обратната връзка на ПХ започва със събиране на индивидуални данни, включително биологични, диетични и други фактори за начина на живот. Интегрирането и интерпретацията на данните позволяват персонализирани препоръки, които от своя страна могат да предизвикат положителна промяна в поведението, което в крайна сметка води до подобрени здравни резултати.

ПХ представлява напредък както от традиционните диетични съвети, така и от по-ранни персонализирани подходи. Въпреки признатите причинно-следствени връзки между диетата и здравните резултати, традиционните стратегии за диетична интервенция за намаляване на тежестта на хроничните заболявания имат ограничено въздействие. Това се дължи на комбинация от лошо придържане към хранителните препоръки и различни индивидуални реакции към една и съща храна и доза. ПХ има потенциала, да се справи с двете предизвикателства.

Доказано е, че персонализираните препоръки повишават спазването на режима, а прогнозите за посоката и степента на реакцията на индивида към храната позволяват разработването на по-ефективни препоръки, съобразени с неговите специфични нужди и метаболизъм.

Подпомогнато от обилието от данни, събрани сега чрез преносими устройства, смартфони и диагностич-

ни тестове, ПХ е обещаващо за по-рентабилен подход към промоцията на здравето. Тези данни могат да бъдат анализирани и интегрирани с помощта на изчислителни методи, за да се генерират както качествени, така и количествени хранителни препоръки „точно навреме“ за отделния клиент или пациент.

С развитието на ПХ, се увеличава потенциала при разбирането и приложението на храненето и значително да повлияе на резултати като поддържане на здравето, устойчивостта и възстановяването, плодовитостта, физическия капацитет и когнитивните функции. Доказано е, че индивидуалните колебания в хранителното поведение и реакции са многостранни и включват генетика, метаболитно профилиране и метаболитни признаци (като метагеномика и мета-транскриптомика), както и психологически, антропометрични, социално-демографски и екологични фактори. За да се синтезират някои от тези групи данни в по-лесно управляеми входни такива, много от променливите са представени като „-типове“ или групи с отличителни признаци. Докато „генотип“ обикновено се отнася до един локус/място в нашия геном, метаботиповете, нутритиповете, възрастотиповете и фенотиповете се отнасят до елементи, които комбинират голям брой променливи, свързани с нашия метаболизъм, диета, стареене и други характеристики.

(продължава в следващия брой)