

•运动人体科学•

代谢组学运动选材与传统生化选材方法的比较

李江华¹, 王智慧², 朱小娟¹, 葛耀军¹

(1.江西师范大学 体育学院, 江西 南昌 330022; 2.北京市经济管理学校, 北京 100142)

摘 要: 通过与传统生化选材方法进行对比, 探索代谢组学这一新兴的系统生物学方法用于运动选材的可行性与优越性。将雄性 SD 大鼠 24 只, 在幼年时(4 周龄)即收集其尿样和血样, 尿样用于核磁共振(NMR)代谢组学分析, 血样用于测试血红蛋白(Hb)和血清睾酮(ST); 然后开始渐增负荷游泳训练直至成年(14 周龄), 训练结束后进行负重耐力游泳能力测试, 记录每只大鼠游泳至力竭的时间, 并根据力竭时间长短进行排名, 分为前 3 名组与 4~24 名组、前 12 名组与后 12 名组共 4 组; 测试完成后, 休息 2 d, 断头处死, 取右后肢腓肠肌测试琥珀酸脱氢酶(SDH)和乳酸脱氢酶(LDH)。结果显示: 无论是前 3 名组与 4~24 名组之间, 还是前 12 名组与后 12 名组之间, Hb、ST、SDH 和 LDH 指标均较为接近, 并且相互交错, 组间没有显著性差异; 而大鼠的代谢特征图谱有明显的差异, 不同组样本被明确地分开了, 而同组的样本则出现了聚集。结果表明: 大鼠幼年时的代谢特征图谱能一定程度反映它们成年后游泳能力的差异, 相对于利用一个或者少数几个指标进行运动选材的传统生化方法, 代谢组学这一系统生物学方法具独特的优势。

关 键 词: 运动生物化学; 代谢组学; 运动选材; 核磁共振; 模式识别; 游泳; 大鼠

中图分类号: G804.7 文献标志码: A 文章编号: 1006-7116(2013)01-0123-06

A comparison of metabolical and traditional biochemical methods used for athletic talent identification

LI Jiang-hua¹, WANG Zhi-hui², ZHU Xiao-juan¹, GE Yao-jun¹

(1.School of Physical Education, Jiangxi Normal University, Nanchang 330022, China;

2.Beijing Economic Management School, Beijing 100142, China)

Abstract: By comparing with traditional biochemical method used for athletic talent identification, the authors probed into the feasibility and advantages to apply such an emerging systems biological method as metabolomics in athletic talent identification. The authors selected 24 male SD rats, took their urine and blood samples when they were young (4-week old), used the urine samples for nuclear magnetic resonance (NMR) metabolical analysis and the blood samples for testing hemoglobin (Hb) and serum testosterone (ST), then started gradually increasing swimming training loads until they became adults (14-week old), ran a loaded endurance swimming capacity test after training was finished, recorded the time taken by each rat to swim to an exhausted condition, ranked them based on the time of exhaustion, divided them into a top 3 group, a 4th-24th group, a top 12 group and a last 12 group, let them rest for 2 days after testing was completed, then decapitated them, took their right rear limb gastrocnemius muscles for testing succinic dehydrogenase (SDH) and lactate dehydrogenase (LDH), and revealed the following findings: No matter between the rats in the top 3 group and the 4th-24th group, or between the rats in the top 12 group and the last 12 group, their Hb, ST, SDH and LDH indexes were close, changing alternatively, showing no significant difference between the groups; yet the metabolic characteristic maps of the rats were significantly different, samples of the rats in different groups were clearly separated, while samples of the rats in the same group

收稿日期: 2012-04-10

基金项目: 江西师范大学博士启动基金(2863)。

作者简介: 李江华 (1972-), 男, 博士, 研究方向: 运动代谢组学。

showed a sign of gathering. The findings indicated the followings: the metabolic characteristic maps of the rats measured when they were young can reflect the differences in their swimming capacities when they became adults; comparing with traditional biochemical method for athletic talent identification by utilizing one or several indexes, such a systems biological method as metabolomics has its unique advantages.

Key words: sports biochemistry; metabolomics; athletic talent identification; NMR; pattern recognition; swimming; rat

在还原论(不断地向微观世界深入)的指导下,人类对生命现象的研究已经取得了大量的成果,甚至在细胞和分子水平对生物体都有了很具体的了解,运动选材也早已从最初的身体形态观察、身体素质测试,发展到生理、生化指标,甚至运动相关基因的研究。据报道,血红蛋白(Hb)、血清睾酮(ST)、琥珀酸脱氢酶(SDH)和乳酸脱氢酶(LDH)与运动能力密切相关,并且遗传度也相对较高,是传统运动生化选材的常用指标^[1]。然而,还原论的基本思路是将生物体拆分为一个比一个更小的零件,研究单个组成元素或者说个别生物学指标与生命现象的关系,所以其研究结果往往难以对生物体整体的行为给出系统、圆满的解释^[2]。因此,在后基因时代,以系统整体为研究对象,以基因组学、蛋白质组学和代谢组学为代表的系统生物学已日渐成为生命科学研究的趋势^[3]。代谢组学通过测量样本中所有的代谢产物来反映生物体对不同刺激的反应^[4],利用代谢特征图谱对生命系统进行研究^[5]。相对于基因层面的研究,代谢组学具有灵敏性更高、整体性更强,测试与分析简单、快速等优点^[6-7]。此前的研究已初步证明了运动员的代谢特征图谱包含了运动员竞技水平的信息^[8],并建立了高水平男子中短距离游泳成绩预测代谢组学模型^[9]。本研究以 SD 大鼠为研究对象,探索能否利用大鼠幼年时(4 周龄)的代谢特征图谱,识别出游泳潜力较大的大鼠,即经过长期训练后,在成年时(14 周龄),能取得优秀游泳成绩的大鼠;并通过与传统生化方法进行对比,对基于核磁共振(NMR)的代谢组学这一系统生物学方法应用于运动选材的可行性与优越性进行分析。

1 实验对象与方法

1.1 实验对象

3 周龄健康雄性 SD 大鼠 24 只,由南昌大学实验动物科学部提供,清洁级实验动物。平均体重(207.1 ± 43.9) g,采用国家标准大鼠饲料分笼喂养(饲料由南昌大学实验动物科学部提供),自由饮食,室温 20~24℃,自然光照。

1.2 训练开始前收集尿样与血样

1 周适应性游泳结束后,正式训练开始前,即于大鼠 4 周龄时(幼年期),收集大鼠的尿样与血样:用

代谢笼采集 24 h 尿液,加入适量叠氮钠(NaN_3)防腐,然后 EP 管密封,保存于-80℃冰箱待一维核磁共振氢谱($^1\text{H NMR}$)测试;尿样采集完后,取尾血约 1 mL,保存至抗凝管内,待检测 Hb 和 ST。

1.3 训练与分组

1) 训练方法。

尿样收集完后第 2 天,开始正式游泳训练。游泳池水深 60 cm,水温 25~30℃。训练采用负重方式,时间为 10 周,每周训练 5 d,每天 1 次,每次训练持续时间以大鼠个体是否出现疲劳为准。负重量:正式训练第 1 周负重量为大鼠平均体重的 2%,以后每 2 周在原有基础上增加 1%,一直增加至大鼠平均体重的 5%为止。疲劳标准:大鼠鼻尖 2 次沉于水中 5 s 以上,判断为疲劳^[10],出现疲劳的大鼠停止训练,并及时捞出避免溺水。

2) 游泳能力测试与分组。

10 周负重游泳训练结束后,休息 24 h,即在大鼠 14 周龄时(成年期),进行游泳能力测试。负重量约为平均体重的 5%,入水开始计时,游至力竭停止计时。力竭标准:大鼠水中旋转、运动协调性明显下降、水淹没鼻尖、身体下沉至水面超过 10 s^[11]。根据游泳至力竭时间长短进行排名,将 24 只大鼠分为前 3 名组与 4~24 名组、前 12 名组与后 12 名组。

1.4 训练与测试完后收集肌肉样本

大鼠游泳能力测试结束 48 h 后,断头处死大鼠,取右后肢腓肠肌一小块,锡纸包裹,即刻放入液氮中保存。

1.5 传统生化指标测试

1) 血红蛋白(Hb)与血清睾酮(ST)。

Hb 测试采用氰化高铁血红蛋白试剂盒(购自南京建成生物工程研究所)。测试时取试剂 5 mL,加采集的大鼠尾部全血 20 μL ,回洗 3 次,混匀后静置 5 min,空白管调零,540 nm 波长比色。

ST 测试采用双抗体夹心酶联免疫吸附法(ELISA),试剂盒由南京建成生物工程研究所代购,按说明书要求步骤进行操作。

2) 琥珀酸脱氢酶(SDH)和乳酸脱氢酶(LDH)。

取保存于液氮中的肌肉组织 1 g,冰冷的生理盐水中漂洗,眼科小剪剪碎,手动玻璃匀浆器匀浆(在冰水

浴中进行),低温离心机 2 000 r/min 离心 15 min, 取上清液。然后利用琥珀酸脱氢酶(SDH)与乳酸脱氢酶(LDH)测试试剂盒(购自南京建成生物工程研究所), 严格按照说明书进行检测。

1.6 ^1H NMR 测试

尿样于室温下解冻, 每个尿液样品取 400 μL , 加入 200 μL 磷酸缓冲液(0.3 mol/L, pH7.4), 质量分数 10% 重水(D_2O , 锁场)和 0.05% TSP(内标)。静置 10 min, 再于 4 $^{\circ}\text{C}$, 13 000 g 离心 10 min, 取上清液 5 mm 核磁管进行 ^1H NMR 测量, 磁场共振频率 400.13 MHz, 谱宽 16.02, 扫描 32 次, 温度 30 $^{\circ}\text{C}$, 预饱和方式压水峰, 脉冲序列 NOESYPR1D。

1.7 基于 NMR 的代谢组学分析

基于 NMR 的代谢组学研究通常以尿液作为研究对象, 利用 ^1H NMR 产生数据。氢原子在不同分子中的化学环境不同, 在 ^1H NMR 中显示出不同的吸收峰, 其中峰的数量就是氢的化学环境的数量, 而峰的强度(也称为面积), 就对应处于某种化学环境中的氢原子的数量。由于尿液 ^1H NMR 完整地反映了哺乳动物个体独特的代谢表型与代谢特征, 被称为“代谢特征图谱”。简而言之, 代谢组学研究的不再是一个或几个代谢指标, 它研究的是整个生物体所有代谢产物形成的“代谢特征图谱”变化与差异, 尿液 ^1H NMR 上不同的谱峰代表了尿液中不同的代谢物, 谱峰的面积则反映了该代谢物的相对浓度; 哺乳动物的代谢产物基本上都包含氢, 而 NMR 是目前唯一既能定性, 又能在微摩尔范围对所有含氢代谢物同时进行定量分析的技术^[6]。

1) 谱图处理与产生数据。

利用软件 MestReC4.9.9.6 对所测得的 ^1H NMR 进行手动相位和基线校正, 以 TSP 共振峰为参考调零。然后对 10~0.04 进行分段积分, 每段 0.04, 为了消除核磁共振采集信号过程中压水峰所造成的影响, 去除了水峰和尿素峰附近 6.2~4.4 这一区段。在模式识别和进行数理统计与分析前, 每段的积分数据相对于每张氢谱的总积分进行标准化处理^[9]。

2) 模式识别。

哺乳动物尿液中的代谢物组成复杂, 众多的小分子代谢物通常会在 ^1H NMR 产生成千上万的共振峰^[8], 要想解读实验对象代谢特征图谱的差异或变化, 就必须借助以计算机信息技术为基础发展起来的模式识别技术^[9]。偏小二乘法(PLS)是一种集多元线性回归法和主成分分析(PCA)的基本功能于一体的、对高维度数据具有强大处理能力的模式识别方法^[12]。本研究采用 SIMCA-P 10.0 软件包(瑞典, Umetrics AB, Umea)进行 PLS 模式识别和自变量因子(各观测指标)重要性程度分析。

1.8 统计学分析

各数据以均值 \pm 标准差($\bar{x} \pm s$)表示, 均数比较使用 SPSS15.0 (SPSS Inc., Chicago, IL, USA)进行 T 检验, 显著性水平为 $\alpha=0.05$, 非常显著性水平为 $\alpha=0.01$ 。

2 结果与分析

2.1 游泳测试成绩

24 只大鼠经过 10 周渐增负荷游泳训练后, 游泳能力测试显示: 前 3 名组大鼠游泳至力竭的平均时间为(118.00 \pm 56.18) min, 4~24 名组大鼠力竭的平均时间为(28.97 \pm 10.64) min, 两组比较, 差异具有非常显著性意义($P < 0.01$); 前 12 名组大鼠力竭的平均时间为(58.39 \pm 43.60) min, 后 12 名组大鼠力竭的平均时间为(21.82 \pm 6.39) min, 两组比较, 差异具有非常显著性意义($P < 0.01$)。

2.2 传统生化指标测试

如表 1 所示, 前 3 名组和前 12 名组大鼠的 Hb 分别为(152.3 \pm 9.5) $\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$ 和(153.72 \pm 21.72) $\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$, 略低于 4~24 名组和后 12 名组的(165.73 \pm 74.42) $\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$ 和(174.39 \pm 65.76) $\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$, 并且组间数据彼此交错, 差异不明显, 无显著性意义($P > 0.05$); ST、SDH 以及 LDH 的测试结果与 Hb 类似, 也是前 3 名组和前 12 名组大鼠分别略低于 4~24 名组和后 12 名组, 组间数据彼此交错, 差异不明显, 无显著性意义($P > 0.05$)。

表 1 传统生化指标测试结果($\bar{x} \pm s$)

组别	n /只	ρ (Hb)/($\text{g} \cdot \text{L}^{-1}$)	c (ST)/($\text{nmol} \cdot \text{L}^{-1}$)	SDH 活性/($\text{U} \cdot \text{mg}^{-1}$)	LDH 活性/($\text{U} \cdot \text{mg}^{-1}$)
前 3 名	3	152.3 \pm 9.50	2.47 \pm 0.06	29.77 \pm 7.48	0.58 \pm 0.40
4~24 名	21	165.73 \pm 74.42	2.48 \pm 0.34	35.38 \pm 3.82	0.62 \pm 0.29
前 12 名	12	153.72 \pm 21.72	2.47 \pm 0.33	33.46 \pm 4.01	0.59 \pm 0.39
后 12 名	12	174.39 \pm 65.76	2.49 \pm 0.13	35.90 \pm 3.77	0.64 \pm 0.27

2.3 代谢组学

1) 模式识别结果。

PLS 模式识别结果如图 1、图 2 所示, 在以第 1 主成分(t_1)为横坐标, 第 2 主成分(t_2)为纵坐标的散点图上, 前 3 名组和 4~24 名组样本、前 12 名组和后 12 名组样本被明确地分开了, 而同组的样本则各自聚集。这一结果表明, 游泳潜力不同的大鼠, 其幼年时(4 周龄)的代谢特征图谱(^1H NMR)就具有明显的差异, 利用基于 NMR 的代谢组学方法结合模式识别技术, 将先天条件优越、成年后能取得较好游泳成绩的 SD 大鼠(如图 1 中的前 3 名或前 12 名)从小选拔出来具有一定的可行性。

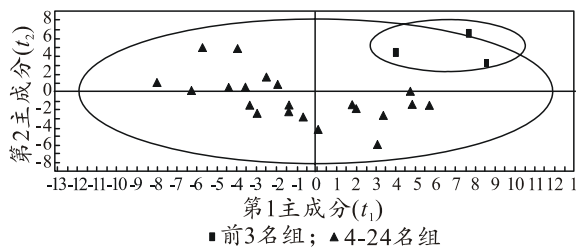


图 1 前 3 名组和 4~24 名组偏最小二乘法模式识别效果

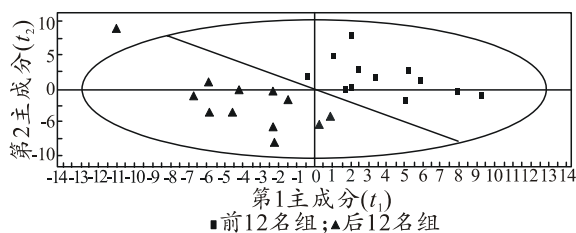


图 2 前 12 名组和后 12 名组偏最小二乘法模式识别效果

2) ^1H NMR 谱峰重要性分析与代谢标志物的发现。

根据整个代谢特征图谱的特征和差异来研究生命现象是代谢组学的主要手段。尿液 ^1H NMR 谱是由成千上万的、代表着不同代谢物的共振峰组成, 这些共振峰在模式识别中的重要性也不相同。如图 1、图 2 所示, 根据大鼠 ^1H NMR 谱的特征和差异, 前 3 名组和 4~24 名组样本、前 12 名组和后 12 名组样本被明确地分开了, 而同组的样本则实现了聚集。那么哪些代谢物的共振峰在模式识别过程中起到了主要作用呢? PLS 在进行模式识别的同时, 还能对不同谱峰的重要性进行分析。不同代谢物共振峰的重要性可以用变量投影重要性指标 (VIP) 来量化^[2], 据此可以发现在模式识别过程中起到了主要作用的代谢物。

本研究中, VIP 值较高的、能较大程度反映大鼠游泳潜力的 ^1H NMR 谱各区段及谱峰归属(图 3)结果如表 2 所示。统计结果显示, 前 12 名组在 7.88~7.84、7.56~7.52 和 7.64~7.60 3 个区段的相对积分值明显高于后 12 名组, 而在 3.96~3.92、3.08~3.04 和 2.28~2.24 3 个区段的相对积分值则明显低于后 12 名组, 差异均具有显著性意义或非常显著性意义。前 3 名组与 4~24 名组之间的数据比较结果与此一致, 但由于前 3 名组样本数太少(3 个), 差异未出现显著性意义。

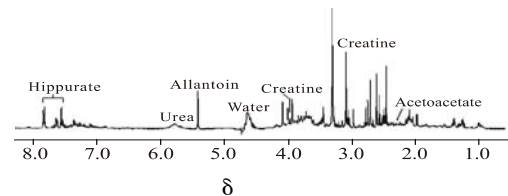


图 3 一维核磁共振氢谱(^1H NMR)重要区段代表性的代谢标志物

表 2 重要 ^1H NMR 区段积分均值($\bar{x} \pm s$)比较(标准化后)和单因素方差检验

^1H NMR 区段	VIP 值	前 12 名组	后 12 名组	代表性代谢标志物
7.88~7.84	2.01	0.008 704±0.001 734 ²⁾	0.004 873±0.002 200	马尿酸(Hippurate)
7.56~7.52	1.87	0.009 254±0.002 241 ²⁾	0.005 639±0.002 442	马尿酸(Hippurate)
3.96~3.92	1.83	0.011 313±0.002 146 ²⁾	0.018 300±0.007 613	肌酸(Creatine)
3.08~3.04	1.63	0.034 595±0.008 776 ¹⁾	0.046 833±0.013 624	肌酸酐(Creatinine)
7.64~7.60	1.57	0.003 310±0.001 346 ²⁾	0.001 670±0.001 168	马尿酸(Hippurate)
2.28~2.24	1.54	0.008 763±0.001 229 ²⁾	0.011 283±0.002 600	乙酰乙酸(Acetoacetate)

1)与后 12 名组比较, $P < 0.05$; 2)与后 12 名组比较, $P < 0.01$

3 讨论

3.1 大鼠年龄、游泳训练与测试

大鼠的寿命一般为 2.5~3.0 年, 2 个月左右性成熟。4 周龄大鼠相当于人类青春期前的小孩, 本研究称为幼年期; 经过 10 周训练后, 大鼠为 14 周龄(约 3 个半月), 相当于人类的青壮年时期, 也正是运动员出成绩的时候, 本研究称为成年期。为了保证研究结果适用

于运动员早期选材和避免运动训练对结果的影响, 本研究的代谢特征图谱以及 Hb 和 ST 测试均在大鼠幼年期、游泳训练未正式开始之前进行; 而游泳能力测试则在 10 周游泳训练后进行, 此时的测试成绩反映的是大鼠经过训练后, 在成年期所能达到的游泳水平。

大鼠游泳训练与测试主要分为耐力型、速度型和迷宫型 3 类, 由于操作相对简单, 耐力型是实验室研

究采用得最多的一种模式^[13]。这种模式一般采用“负重”游泳的方式来增加训练量,测试游泳至力竭的时间来评价大鼠的游泳能力^[13]。本研究采用的也是渐增负荷的耐力性游泳训练。经过 10 周训练后,从测试的结果来看,训练达到了预定目的。大鼠的游泳能力出现了明显的差异:前 3 名大鼠游泳至力竭的平均时间为(118.00 ± 56.18) min,比 4~24 名大鼠力竭时间的 4 倍还多;前 12 名大鼠力竭的平均时间为(58.39 ± 43.60) min,也超过了后 12 名大鼠力竭时间的 2 倍。

3.2 基于 NMR 的代谢组学运用于运动选材的优越性

传统生化选材研究往往专注于运动能力与某个或少数几个生化指标的关系,然而生物体并不是单个构成元素或者构成部件的简单相加,单个生化指标很难准确反映运动员的运动能力与运动潜力^[14]。虽然许多报道已经证明,作为常用传统生化选材指标,Hb 与运动员氧运输能力、ST 与运动员身体素质发展密切相关^[15-16],SDH 和 LDH 是运动员能量代谢的关键酶^[1],但是从本实验的结果来看:游泳潜力较好的大鼠(前 3 名组和前 12 名组)幼年时的 Hb 与 ST 的水平与其它大鼠相比并没有明显的差异($P > 0.05$),单纯从数值上来看,甚至还略低于 4~24 名组和后 12 名组;SDH 和 LDH 的测试结果也与此基本一致,没有发现游泳能力不同的大鼠之间有显著性差异($P > 0.05$)。可见,这些传统生化选材指标对预测运动员运动能力的作用都相当有限,因为这些指标所反映的只是整个生物体非常局部的、某个组成元素或部件的差异,而决定运动员运动表现的是整体。

研究表明,不同基因系人群的代谢特征图谱具有明显的差异^[17-18],基因层面微小的差异,都可能会引起代谢产物的剧烈变化^[7, 19]。另外,机体的许多生命活动是发生在代谢物层面的,如细胞信号释放、能量传递、细胞间通信等都是受代谢物调控的^[20],这些活动可能与运动能力或运动潜力直接相关,而基因层面的研究却反映不了这些活动。

从本实验的结果来看,经过 PLS 模式识别,前 3 名组和 4~24 名组样本(图 1)、前 12 名组和后 12 名组样本(图 2)被明确地分开了,而同组的样本则各自聚集。这一结果表明,游泳潜力不同的大鼠,其幼年时的代谢特征图谱(¹H NMR)就具有明显的差异,利用基于 NMR 的代谢组学方法结合模式识别技术把先天条件优越、适合从事耐力性游泳项目的 SD 大鼠从小选拔出来具有可行性。

3.3 代谢标志物与运动选材的关系

由于每段 ¹H NMR 谱相对积分值在一定程度上反映该区段主要物质的相对浓度,因此从图 3 和表 2 的结果可以看出:游泳潜力较大的大鼠尿液中马尿酸的

相对含量较高,而游泳潜力较差大鼠的则肌酸、肌酸酐和乙酰乙酸的相对含量较高。

1) 马尿酸。

马尿酸在肝脏中由线粒体合成,它的合成依赖于线粒体氧化磷酸化提供三磷酸腺苷(ATP)的能力^[21],因此尿液中马尿酸的含量反映了肝细胞的能量代谢状态。研究表明,任何肝脏能量代谢的障碍均可影响马尿酸的合成能力,导致尿液中马尿酸水平的下降^[22-23]。由于肝脏的生理功能均以能量代谢为基础,临床上,马尿酸检验是肝功能测试指标之一。

肝脏是人体内脏里最大的、也是新陈代谢最重要的器官,几乎参与了体内所有的代谢过程。人类心脏有力和有规律的跳动、吃的食物能够完全被消化和吸收、大小脑能够保持正常的功能、肌肉能够保持结实和富有弹性,都离不开肝脏的作用^[24]。本研究中,游泳潜力较大的大鼠在 4 周龄时就表现出尿液中马尿酸相对含量较高的特征,这可能反映了它们的肝脏机能天生就相对较强,这也可能是它们通过 10 周游泳训练后能取得较好成绩的一个关键因素。因为运动时,机体的能量供应严重依赖肝脏,例如,运动的中后期,内源性的葡萄糖几乎就完全来自肝糖原分解或糖异生作用。

2) 肌酸和肌酸酐。

人体内的肌酸,部分来自于食物,部分在体内肝脏合成,体内肌酸形成后,大部分被骨骼肌细胞摄取,并以磷酸肌酸的形式储存能量,它的主要生化效应是把线粒体中的能量以磷酸肌酸的形式送到肌原纤维处,以迅速补充 ATP 的含量,满足运动的需要^[25]。肌酸在运动中的应用已经相当普遍,研究表明,补充肌酸能缩短运动员肌肉恢复的时间,对于需要提高肌肉爆发力,或需要增加肌肉体积的运动员,服用肌酸也可以有良好的效果^[25]。肌酸酐简称肌酐,是肌酸和磷酸肌酸分解代谢的终产物,由肌酸脱水或磷酸肌酸去磷酸化、脱水生成,最后经尿排出^[26]。当肌肉发生病变时,肌酸摄取减少,从尿中排出增加,所以医学上,尿肌酸是肌炎和皮肌炎的诊断指标之一^[27]。正常生理条件下,尿液中肌酸与肌酐相对含量较高,可能反映了肌细胞摄取或利用肌酸的能力相对较差,导致体内肌酸以尿肌酸和尿肌酐的形式流失。本研究中,游泳成绩较差的大鼠在 4 周龄时就检测到尿液中肌酸和肌酐的相对含量较高,这可能对它们后期肌肉的发育以及训练效果产生重大影响,导致它们在竞争中处于下风。

3) 乙酰乙酸。

乙酰乙酸是脂肪酸不完全氧化的中间产物,是酮体的一种,尿乙酰乙酸是临床检查尿酮体的主要方法。尿乙酰乙酸含量增加,说明机体糖类物质供能不足,

脂类物质代谢增高。本研究中,游泳成绩较好的大鼠在4周龄时就被检测出尿液中乙酰乙酸相对含量较低,这可能反映了它们利用糖类物质为机体供应能量的能力较强,因而脂类物质参与供能较少。在大部分竞技运动项目中,糖类物质的储备及利用效率是运动员取得优秀成绩的决定性因素,因为3大能源物质中,糖是唯一的既能进行有氧氧化、又能进行无氧氧化的物质,即使同样是有氧氧化,糖氧化供能的效率也比脂肪和蛋白质高得多。

参考文献:

- [1] 王金灿. 运动选材原理与方法[M]. 北京: 人民体育出版社, 2005.
- [2] 孙兰芳, 姜璐. 系统生物学: 系统科学与生物体系统[J]. 系统工程理论与实践, 2005, 10: 67-72.
- [3] 杨胜利. 21世纪的生物学——系统生物学[J]. 生命科学仪器, 2004(2): 5-6.
- [4] Bertram H C, Hoppe C, Petersen B O, et al. An NMR-based metabonomic investigation on effects of milk and meat protein diets given to 8-year-old boys[J]. Br J Nutr, 2007, 97(4): 758-763.
- [5] Jonsson P, Johansson A I, Gullberg J, et al. High-throughput data analysis for detecting and identifying differences between samples in GC/MS-based metabolomic analyses[J]. Anal Chem, 2005, 77(17): 5635-5642.
- [6] 刘树业, 段樱, 李娟. 代谢组学的进展及肝脏代谢组学[J]. 分子诊断与治疗杂志, 2009(3): 197-202.
- [7] Lu P, Rangan A, Chan S Y, et al. Global metabolic changes following loss of a feedback loop reveal dynamic steady states of the yeast metabolome[J]. Metab Eng, 2007, 9(1): 8-20.
- [8] 李江华, 刘承宜, 徐晓阳, 等. 2006多哈亚运会短距离游泳男运动员代谢组学研究[J]. 体育科学, 2008, 28(2): 42-46.
- [9] 李江华, 刘承宜, 沙海燕, 等. 高水平男子中短距离游泳成绩预测代谢组学模型[J]. 体育学刊, 2010, 17(4): 103-106.
- [10] 刘刚, 张纛, 冯美云, 等. 1, 6-二磷酸果糖对疲劳性游泳大鼠自由基和血尿酸、血肌酐代谢的影响[J]. 北京体育大学学报, 1998, 21(2): 8-10.
- [11] Thomas D P, Marshall K I. Effects of repeated exhaustive exercise on myocardial subcellular membrane structures[J]. Int J Sports Med, 1988, 9(4): 257-260.
- [12] 李江华, 范叶飞, 刘文锋. 偏小二乘法在体育科研中的应用与实践[J]. 中国体育科技, 2010, 46(6): 138-141.
- [13] Dawson C A, Horvath S M. Swimming in small laboratory animals[J]. Med Sci Sports, 1970, 2(2): 51-78.
- [14] Abbott A, Button C, Pepping G J, et al. Unnatural selection: talent identification and development in sport[J]. Nonlinear Dynamics Psychol Life Sci, 2005, 9(1): 61-88.
- [15] 庞毓恩, 屈红林. 试论运动选材的遗传因素与方法[J]. 安庆师范学院学报: 自然科学版, 2005, 13(3): 112-115.
- [16] 郭蕾. 艺术体操运动员科学化选材中生理生化指标的应用[J]. 西安文理学院学报: 自然科学版, 2009, 12(2): 115-118.
- [17] Lenz E M, Bright J, Wilson I D, et al. Metabonomics, dietary influences and cultural differences: a ¹H NMR-based study of urine samples obtained from healthy British and Swedish subjects[J]. J Pharm Biomed Anal, 2004, 36(4): 841-849.
- [18] Kochhar S, Jacobs D M, Ramadan Z, et al. Probing gender-specific metabolism differences in humans by nuclear magnetic resonance-based metabonomics[J]. Anal Biochem, 2006, 352(2): 274.
- [19] Li M, Wang B, Zhang M, et al. Symbiotic gut microbes modulate human metabolic phenotypes[J]. PNAS, 2008, 105(6): 2117-2122.
- [20] 陈慧梅. 代谢组学及其研究方法和应用[J]. 肾脏病与透析肾移植杂志, 2005, 14(1): 59-64.
- [21] Aoyama H, Kamiyama Y, Ukikusa M, et al. Clinical significance of hippurate-synthesizing capacity in surgical patients with liver disease: a metabolic tolerance test[J]. J Lab Clin Med, 1986, 108(5): 456-460.
- [22] 王伟明, 黄育华, 熊振芳, 等. 肝气郁结证大鼠尿液代谢组学研究[J]. 中西医结合肝病杂志, 2010, 20(2): 102-105.
- [23] 郭永征. 经ALSS治疗的乙肝肝衰竭患者的尿液代谢组学研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2011.
- [24] 麻春玲, 谢雯. 高危人群护好你的肝[J]. 生活与健康, 2010(7): 6-9.
- [25] 朱蔚莉, 李可基. 肌酸补充与骨骼肌糖代谢[J]. 体育科学, 2006, 26(1): 71-73.
- [26] 郭德兵. 补充肌酸对运动能力的影响[J]. 韶关学院学报: 自然科学版, 2010, 31(3): 137-140.
- [27] 邹和建. 多发性肌炎和皮肌炎[J]. 医师进修杂志: 内科版, 2004, 27(12): 7-10.