

МИКРОБИОТА КИШЕЧНИКА ПРОФЕССИОНАЛЬНЫХ СПОРТСМЕНОВ: СОСТАВ, ФУНКЦИИ И ОСОБЕННОСТИ ЕЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

Кривко В.В.¹

Научный руководитель – Патраханов Е.А.¹

¹Университет ИТМО

valyaktivko@yandex.ru

Введение

Все чаще микробиота профессиональных спортсменов становится объектом пристального внимания в контексте спортивной медицины и нутрициологии. Исследования показывают, что физические нагрузки любого вида, диета и образ жизни спортсмена формируют уникальную микробиоту, которая, в свою очередь, может влиять на выносливость, скорость восстановления после тренировок, риск травматизма и даже на психологическое состояние. Именно изучение уникальных консорциумов микроорганизмов кишечника и их метаболитов у спортсменов открывает новые горизонты для создания биологически активных добавок (пробиотиков), которые будут работать более эффективно, чем стандартные, используемые на сегодняшний день.

Основная часть

Кишечная микробиота профессиональных спортсменов существенно отличается от микробиоты людей с низкой физической активностью: у спортсменов зафиксировано более высокое α -разнообразие микробного сообщества при относительно сниженном уровне представителей типа *Bacteroidetes*, тогда как доминирующими таксонами являются семейство *Akkermansiaceae* и род *Faecalibacterium* [1]. Наиболее известный представитель семейства *Akkermansiaceae*, *Akkermansia muciniphila*, усиливает барьерную функцию кишечника, стимулирует секрецию энтероглюкагона (кишечного гормона, опосредующего регуляцию уровня сахара в крови), снижает выработку провоспалительных цитокинов и контролирует накопление жиров. Вместе с тем у профессиональных спортсменов снижена представленность таких потенциально патогенных видов как *Bilophila wadsworthia*, ассоциированной с продукцией сероводорода, и *Ruminococcus gnavus*, связанного с болезнью Крона и развитием метаболического синдрома [2].

Особое место среди микроорганизмов, характерных для профессиональных спортсменов занимают виды, участвующие в метаболизме биологически активных соединений. *Gordonibacter massiliensis* и родственный ему *G. urolithinifaciens* (семейство *Eggerthellaceae*) метаболизируют полифенолы, поступающие с пищей, до уrolитина – метаболита, стимулирующего синтез белка и мышечную гипертрофию через АМФ-активированные протеинкиназы, а также проявляющего противовоспалительные и антиоксидантные свойства [3]. Параллельно, бактерии, обитающие в кишечнике, ферментируют пищевые волокна в короткоцепочечные жирные кислоты (КЦЖК), функционирующие как энергетические субстраты для клеток толстого кишечника – колоноцитов [4].

Для изучения микробиоты кишечника применяется ряд методологических подходов, каждый из которых обладает характерными преимуществами и ограничениями. Традиционные микробиологические методы часто не позволяют в полной мере охватить все бактериальное разнообразие индивида, поскольку большинство кишечных бактерий – облигатные анаэробы, плохо переносящие условия сбора и хранения образцов. Это ограничение было преодолено с развитием молекулярно-биологических методов: секвенирование гена 16S рРНК позволяет идентифицировать

бактерии без их предварительного культивирования и даже оценить их относительную численность в образцах. Однако более информативным методом метагеномного секвенирования на сегодняшний день является «метод дробовика» (shotgun metagenomic sequencing), при котором секвенируется вся ДНК микробного сообщества, что даёт возможность одновременно охарактеризовать как таксономический состав, так и функциональный потенциал микробиоты – это особенно ценно в случае, если необходимо оценить метаболические свойства кишечного консорциума. Дополнительную глубину анализа обеспечивают методы метатранскриптомики, метапротеомики и метаболомики, совокупно позволяющие перейти от описания состава микробиоты к её реальной функциональной характеристике в условиях интенсивных физических нагрузок [5].

Выводы

Микробиота кишечника профессиональных спортсменов отличается повышенным таксономическим разнообразием, доминированием «полезных» с точки зрения физического потенциала спортсмена таксонов и сниженной долей патогенных видов, что в совокупности поддерживает кишечный барьер, снижает воспаление и ускоряет энергетический метаболизм. Всестороннее исследование данных особенностей на сегодняшний день возможно только с применением современных молекулярно-биологических методов – прежде всего метагеномного секвенирования методом дробовика и других омиксных технологий.

Литература

1. Palladina O., Kaliga A. Microbiome of athletes: Its features and diversity: A literature review // *International Journal of Medicine and Medical Research*. 2024. Vol. 10, no. 1. P. 56–63. <https://doi.org/10.61751/ijmmer/1.2024.56>.
2. Kulecka M., Fraczek B., Balabas A., Czarnowski P. et al. Characteristics of the gut microbiome in esports players compared with those in physical education students and professional athletes // *Frontiers in Nutrition*. 2023. Vol. 9. <https://doi.org/10.3389/fnut.2022.1092846>.
3. Aya V., Flórez A., Perez L., Ramírez JD. Association between physical activity and changes in intestinal microbiota composition: A systematic review // *PLoS One*. 2021. Vol. 16, no. 2. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0247039>.
4. Sumi D., Suzuki Y. Gastrointestinal function and microbiota in endurance athletes // *Frontiers in Physiology*. 2025. Vol. 16. <https://doi.org/10.3389/fphys.2025.1551284>.
5. Sarangi A., Goel A., Aggarwal R. Methods for Studying Gut Microbiota: A Primer for Physicians // *Journal of Clinical and Experimental Hepatology*. 2019. Vol. 9. P. 62–73. <https://doi.org/10.1016/j.jceh.2018.04.016>.