

肠道菌群在介导运动表现中的作用研究进展

苏美华,王振敏,金家辉
(集美大学体育学院,福建 厦门 361021)

摘要:营养手段对运动员提升运动能力、增强运动表现和促进运动疲劳恢复具有重要作用。现研究主要集中在饮食和营养补剂对运动训练的作用效应,但肠道微生物群对运动表现所起的作用却较少研究。近期研究表明,运动表现和运动效应均与肠道菌群之间存在关联,肠道菌群的改变可能影响宿主的竞技能力。研究综述了不同运动专项、不同竞技水平与肠道菌群之间的作用关系,阐释肠道微生物群和补充益生菌在运动员运动表现中所发挥的作用,以期为运动员个性化补充益生菌提高竞技能力、促进运动疲劳恢复以及机能监测提供参考依据。

关键词:肠道菌群;运动表现;介导运动;综述

中图分类号:G804.2

文献标识码:A

文章编号:1007-7413(2025)01-0060-09

Research Progress on the Role of Gut Microbiota in Mediating Exercise Performance

SU Meihua, WANG Zhenmin, JIN Jiahui

(Physical Education Institute of Jimei University, Xiamen 361021, China)

Abstract: Nutritional means play an important role in improving athletes' athletic ability, enhancing athletic performance and promoting recovery from exercise fatigue. Recent research has focused on the effects of diet and nutritional supplements on athletic training, but the role of the gut microbiota on athletic performance is poorly understood. Recent studies have shown that exercise performance and exercise effect were related to gut microbiota, and changes in gut microbiota may contribute to the host's athleticism. This article reviews the relationship among different sports specialties, different competition levels and gut microbiota, moreover, it explains the effect of gut microbiota and probiotic supplementation on athletic performance, which aims to provide a reference for athletes to improve their athletic ability, promote exercise fatigue recovery and function monitoring.

Key words: gut microbiota; athletic performance; mediating exercise; review

人体肠道定植的细菌,是人体真核细胞数量的10倍左右,主要分为共生菌、益生菌和致病菌三种,正常情况下这三种细菌之间维持相对的稳定状态。肠道微生态的平衡与宿主健康关系密切,肠道内不同的菌群通过肠道内代谢产物影响宿主免疫功能、代谢健康、消化吸收等^[1]。适量运动对肠道菌群的有利效应已得到研究证实,运动对高血压^[2]、糖尿病^[3]、非酒精性脂肪肝^[4]等代谢性疾病患者的肠道菌群能够产生积极影响,进而促进宿主健康,改善疾病状态。而肠道菌群与竞技运动个体之间关系的研究亦备受关注。因此,本文基于不同运动项目对运动员肠道菌

群的变化进行分析,探索肠道菌群在介导运动表现中的作用与机制,以期为运动员个性化微生态制剂的开发与应用提供理论依据。

1 肠道菌群在介导不同运动员运动表现中所发挥的作用

肠道菌群与宿主的健康密切相关,不同的菌群在功能的表现上有所不同,但肠道微生态的平衡有助于维持宿主代谢健康与免疫平衡。肠道菌群在介导宿主竞技能力表现的研究仍处于起步阶段,目

收稿日期:2023-12-11

基金项目:福建省自然科学基金面上项目“运动干预对肥胖青少年肠道菌群的调控作用机制研究”(2019J01754);集美大学国自然培育基金项目“基于肠道菌群与代谢组学分析的青少年运动减肥作用机制研究”(C520132)

第一作者简介:苏美华(1983—),女,福建泉州人,教授,博士,硕士生导师。研究方向:运动生理与体育健康促进。

前大多数主流研究认为:运动与肠道菌群之间存在交互作用,运动可改变肠道菌群的丰富度或改变某些特异菌群的构成,从而影响运动员的运动表现。

1.1 长期适量规律的运动导致宿主肠道菌群的变化

长期适量运动者与久坐者相比,长期适量运动者肠道菌群的丰富度较高,其肠道菌群的变化较久坐人群更为显著,因此将肠道微生物多样性的增加作为健康肠道环境重要标志之一^[5]。Matsumoto^[6]等人对大鼠进行自愿转轮运动,发现运动可改变肠道菌群结构,导致促短链脂肪酸合成类的菌门增多,其中嗜粘蛋白-阿克曼氏菌(*Akkermansia muciniphila*, *A. muciniphila*)增多较为明显。Petersen^[7]等人对运动员与久坐人群的肠道菌群进行分析,发现*A. muciniphila*在运动员中较久坐人群更常见。*A. muciniphila*是一种可降解黏蛋白的革兰氏阴性厌氧菌,主要分布在肠道管壁的黏液层中,可保护宿主肠道黏膜、调节宿主免疫功能、调节宿主代谢健康。*A. muciniphila*通过分解粘蛋白产生短链脂肪酸,具有保护消化道黏膜屏障和预防肥胖的重要作用,从而调节宿主糖脂代谢与增强肠道应激能力;而运动员长期较大强度的运动训练,机体为适应训练作出相应有利的调节,*A. muciniphila*菌群是为保护运动员大强度训练肠道应激所产生的特殊菌群;但不同专项运动对宿主肠道菌群的变化与作用存在差异。

1.2 不同运动专项导致运动员肠道菌群的变化

近年来,已被证实马拉松^[8]、游泳^[9]、自行车^[7]、划船^[10]等不同运动项目之间运动员的肠道菌群组成与功能存在一定的差异性,且肠道菌群对运动员的竞技能力与运动表现可能存在一定的影响。Jang^[11]等人以久坐男性作为对照组,对健美运动员与长跑运动员进行粪便微生物群特征比较,结果发现健美运动员肠道菌群中,普氏栖粪杆菌、梭状芽胞杆菌、嗜血杆菌和艾森伯格氏菌的丰度较高,而双歧杆菌和副杆菌丰度最低。长跑运动员肠道中产生短链脂肪酸的细菌、双歧杆菌以及乳酸杆菌等益生菌丰度最高,这种差异的原因可能是健美运动需进行易疲劳的无氧训练所导致肌肉损伤累

积过多“炎症”,进而使得肠道菌群产生对抗炎症与修复肌肉组织的相关菌群,且健美运动员为满足肌肉的生长,需补充较多蛋白质,机体有利于宿主蛋白质代谢增强的相关菌群丰度增加;而长跑运动需进行较长时间的有氧运动,致使体内能源物质消耗较多,因而肠道中分解碳水化合物、调节能量代谢、产生短链脂肪酸的相关菌群丰度增加,从而提高机体的疲劳恢复能力。Tabone^[12]等人对越野耐力运动员的粪便进行16S rRNA测序分析发现,运动员肠道菌群的多样性和丰度均出现显著改变,而瘤胃球菌科、经黏液真杆菌属等丰度显著增高,这表明高强度长时间进行有氧运动的运动员肠道菌群在分解碳水化合物、维持葡萄糖代谢、调节能量代谢上更为优秀。不同专项运动员与某些菌群的丰度显著相关,其与专项运动能力的提高密切相关,具体研究成果见表1。从表1可以看出,不同运动项目之间运动员的肠道菌群组成与功能存在差异性,例如橄榄球运动员,其中嗜粘蛋白-阿克曼氏菌丰度显著上升,其目的是帮助运动员对蛋白的吸收,同时为提高宿主代谢、参与合成短链脂肪酸和丁酸盐的菌群丰富度也有所提升;自行车运动员、滑雪运动员、职业武术运动员等耐力性运动员,为了提升机体运动能力,其与有氧代谢相关菌群丰度有所增加,不同运动项目之间运动员的肠道菌群变化是基于运动员进行体育运动过程中的能量消耗以及自身代谢,肠道菌群的变化是为了满足运动员自身能量消耗和代谢的需求。

综上所述,运动员较普通人拥有特异性菌群的多样性和丰度显著增加,其在微生物组中拥有更多的代谢通路,这些通路(如碳水化合物降解途径和次级代谢物途径等)可被宿主利用来提高运动机能。因此,不同运动专项导致人体所需代谢要求不同,为了满足运动中的能量消耗,这些菌群的适应性变化是为了增强宿主对能源物质的吸收与利用效果;不同专项运动员肠道菌群的变化具有项目特异性,但总体趋势都倾向于改善运动员的代谢情况或促进运动能力的提高。

表 1 肠道菌群在不同运动专项中介导的作用效应

作者/年份	实验对象	研究结果	研究应用
Clarke ^[13] 2014	橄榄球运动员	肠道微生物群的 α 多样性显著提高,其中嗜粘蛋白-阿克曼氏菌丰度显著上升	该菌群与蛋白质消耗呈正相关,有助于运动员吸收蛋白质
O'Donovan ^[14] 2020	自行车运动员	肠道内直链杆菌、多核杆菌、粗乳杆菌和马西里多杆菌的比例显著上升	该菌群与有氧代谢有关,有助于提高运动员的代谢能力
Bressa ^[15] 2017	女性耐力运动员	肠道内双歧杆菌、巴氏杆菌科的丰度显著提高	该菌群与宿主代谢、消化吸收密切相关
Petersen ^[7] 2017	自行车运动员	肠道内普雷沃氏菌属、拟杆菌的丰度显著提高,其普雷沃氏菌增加最为显著	普雷沃氏菌与氨基酸、碳水化合物代谢途径相关
Moreno ^[16] 2018	耐力性运动员	厚壁菌、拟杆菌、放线菌和变形杆菌的丰度显著增加,而毛螺菌科、罗斯氏菌属、经黏液真杆菌属以及粪球菌属的多样性显著降低	拟杆菌门与碳水化合物的发酵密切相关,而毛螺菌科、罗斯氏菌属、经黏液真杆菌属以及粪球菌属与短链脂肪酸产生密切相关
Liang ^[17] 2017	职业武术运动员	肠道内副杆菌属、双歧杆菌的丰度显著增高	该变化菌群与有氧代谢相关
Bielik ^[9] 2022	自行车运动员	肠道内乳酸杆菌、厚壁杆菌、产短链脂肪酸的相关菌群丰富度增加	该变化菌群可能与宿主有氧代谢调节相关
Hintikka ^[18] 2022	滑雪运动员	肠道内考拉杆菌属、毛螺菌科、拟杆菌、乳酸杆菌和瘤胃球菌科的相对丰度降低,经黏液真杆菌属的相对丰度增高	瘤胃球菌科运动员组的丰富度较少,这可能与运动专项的供能有关,而经黏液真杆菌属的增加可增强运动员的糖代谢能力
Kulecka ^[8] 2020	马拉松运动员	普雷沃氏菌的丰度增高,而拟杆菌的丰度降低,运动员较对照组的丰富度显著增加	普雷沃氏菌的增加可以促进葡萄糖调节和糖原储存
Barton ^[19] 2018	橄榄球运动员	运动员肠道内产生短链脂肪酸和丁酸盐的细菌丰富度增加	该菌群丰富度的增加有助于提高运动员代谢能力
Morishima ^[20] 2020	女性耐力运动员	运动员肠道内的菌群丰富度显著提高,普氏栖粪杆菌的丰度显著增加	普氏栖粪杆菌的增加可显著提高宿主对短链脂肪酸的产生,提高宿主代谢能力

1.3 竞技水平高低导致运动员肠道菌群的变化

肠道菌群在介导宿主运动表现中有积极的作用,但运动竞技水平的高低可能也会制约肠道内菌群的变化。哈佛大学 Scheiman 团队在《Nature Medicine》上发表研究结果:对 87 名优秀马拉松运动员赛后粪便进行肠道菌群测序,其中韦荣氏球菌属丰度显著提高,而将从粪便中分离的非典型韦荣氏球菌移植到正常小鼠,移植后小鼠跑台运动至力竭时间明显延长,运动成绩提高 13%;进一步深入研究发现,运动过程中产生的大量游离乳酸可进入肠道内,其被韦荣氏球菌属快速分解,转化为无毒且可利用的丙酸,随后丙

酸以主动转运的方式由肠腔进入循环系统中,增加能源物质且快速消除乳酸堆积,减少运动过程中疲劳的发生^[10]。Liang^[17]等对 12 名高水平运动员和 16 名低级别运动员的粪便进行分析,结果发现高水平运动员的肠道微生物丰富度和多样性明显高于低水平运动员;其中副杆菌属和双歧杆菌属在高水平运动员中更加丰富,而巨单胞菌属在低级别运动员中更加丰富,这种差异产生的原因可能是高水平运动员因长期科学的运动训练导致其在分解利用能源物质方面更为优秀,肠道内微生态也转向有利于专项技术的发挥,而低水平运动员在体能水平上与高水平运动员存

在显著差异,因而肠道中未能产生提高运动表现相关的菌群。

如图1所示,高水平运动员身体素质较高,通过肠道菌群在宿主中的调控作用提高中枢神经系统活跃度、氧运输系统效率、骨骼肌系统利用率、葡萄糖的转化率,对宿主产生积极影响;另外特异的肠道微生物群可能存在于精英运动员中,特异的肠道菌群可以从膳食纤维发酵中提供相应的代谢物,从而调控宿主

代谢、增强宿主线粒体代谢,从而影响宿主运动表现。综上所述,该机制阐释了高水平运动员通过提高肠道菌群从中枢神经系统、氧运输过程、骨骼肌系统以及能量代谢等方面对运动员机体的正向调控,其目的是为了满足不同运动员运动过程中能量代谢需求,激发运动员机体的耐受能力,以达到增强运动员运动能力、激发运动潜力的目的。

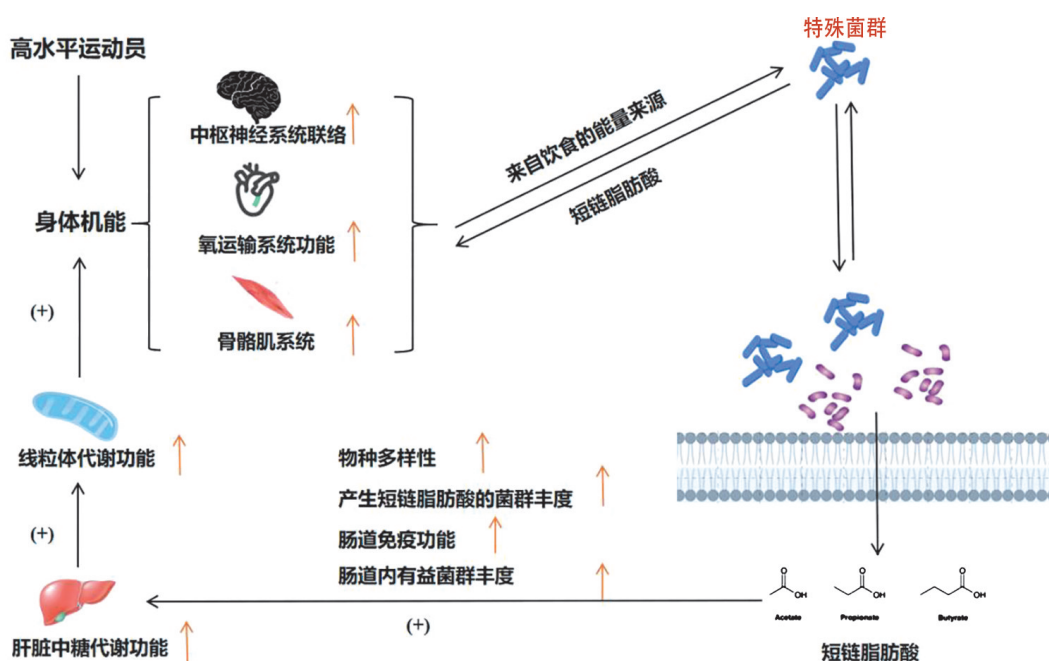


图1 肠道菌群介导高水平运动员运动表现的作用机制

2 补充益生菌对宿主肠道菌群及其运动能力的影响

近年来,相关研究报道了微生物菌群对运动成绩、疲劳恢复和疾病模式的各项指标有积极的影响效应,运动相关的肠道微生物群可能具有修复组织的功能和从食物中获取更多能量的潜力,运动员体内有益的微生物可以被有效地移植到其他运动员身上,用以提高成绩^[21-23],因此,基于肠道菌群对运动员进行个性化营养干预,有望提高运动员的运动水平。研究表明,有氧耐力运动员和力量型运动员主要以高蛋白、高碳水化合物、低脂肪的饮食结构为主,而肠道菌群起着酵解蛋白质和分解碳水化合物产生短链脂肪酸等重要作用^[24]。Hsu^[25]等研究比较了正常无病原体

(SPF)、无菌(GF)和含有脆弱拟杆菌(*Bacteroides fragilis gnotobiois*)小鼠的游泳能力,发现GF小鼠的游泳力竭时间最短,SPF小鼠最长,表明在肠道微生物缺乏的情况下,运动机能下降。另有研究表明,补充益生菌可以改善啮齿类动物的肠道屏障特性^[26]和抗氧化状态^[27],从而提高运动后的恢复能力及增强运动员运动表现,国际运动营养学会(ISSN)也认为益生菌对运动员具有菌株特异性作用^[28],部分研究成果见表2。

因此,补充益生菌有助于改善肠道微生态,调节能量代谢,加速疲劳恢复,从而帮助运动员提高竞赛能力。目前益生菌补充的类型中最多的乳酸杆菌属或双歧杆菌属,而对其他运动相关的特异性菌株的补充效应研究,仍有待深入挖掘。

表 2 益生菌对宿主运动能力的影响

研究对象	实验设计	补充菌株类型	实验结果	参考文献
小鼠	强制游泳至力竭	补充植物乳杆菌 TWK10,持续 6 周	与对照小鼠相比,补充益生菌组的小鼠提高了前肢握力和游泳时间。组织学上发现 I 型肌肉的含量增加,相对肌肉含量增加	[29]
小鼠	强制游泳至力竭	补充发酵乳杆菌 DSM 327、瑞士乳杆菌 DSM 32787、副干酪乳杆菌 DSM32785、鼠李糖乳杆菌 DSM 32786 和嗜热链球菌 DSM 32788,持续 4 周	补充益生菌组的小鼠疲劳时间延长,前肢握力增强。与对照小鼠相比,益生菌喂养的小鼠运动后的血液乳酸、血氨、血尿素氮和肌酸激酶水平较低,补充益生菌的小鼠肝脏和肌肉中的糖原含量较高	[30]
大鼠	密闭跑台至力竭,并测试最大摄氧量	补充布拉氏酵母菌,持续 10 天	补充益生菌组的大鼠,有氧工作能力显著提高。与对照组比较,补充益生菌组的大鼠速度素质也明显提升,最大摄氧量也有所提升	[31]
大鼠	肌肉减少症混合虚弱模型	补充干酪乳杆菌 CNCMI-5663,持续 4 周	补充益生菌组的小鼠较对照组在骨骼肌质量、蛋白质代谢、短链脂肪酸的生成起到了显著的改善作用。动物实验模型验证了益生菌具有提高宿主运动能力以及改善骨骼肌微环境的作用	[32]
女性游泳运动员	随机双盲对照,所有组进行游泳训练	补充含有嗜酸乳杆菌、保加利亚乳杆菌、双歧杆菌和嗜热杆菌的酸奶,持续 8 周	补充益生菌的运动员,与对照组相比较,最大摄氧量有所提高,上呼吸道感染发生率降低,400 米游泳时间缩短	[33]
耐力训练运动员	随机双盲对照,所有组进行跑步训练	补充益生菌胶囊:含有嗜酸乳杆菌、鼠李糖乳杆菌、干酪乳杆菌、植物乳杆菌、发酵乳杆菌、乳双歧杆菌、短双歧杆菌、双歧杆菌和嗜热链球菌,持续 4 周	补充益生菌的运动员机体的抗疲劳能力增加,从而加强耐力训练的效果	[34]
训练有素的运动员	随机双盲对照与安慰剂组,所有组常规训练	补充益生菌粉:含有双歧杆菌 W23、乳双歧杆菌 W51、屎肠球菌 W54、嗜酸乳杆菌 W22、短乳杆菌 W63 和乳酸乳球菌 W58,持续 12 周	补充益生菌的运动员,与对照组相比,运动表现有所提升,可能间接提高了运动员的技能	[35]
健康男性	随机双盲对照与安慰剂组,所有组常规训练	补充益生菌胶囊:含有植物乳杆菌 TWK10,持续 6 周	补充益生菌的男性参与者,其运动耐力、右手和左手的握力、肌肉重量显著增加,提示益生菌在一定程度上可起到增强宿主运动表现的作用	[36]

3 肠道菌群在介导运动表现中的作用机制

3.1 肠道菌群调节肠道黏膜屏障功能影响运动表现
运动员长时间的剧烈运动会破坏肠道微生物群

和免疫系统之间的平衡,改变肠道通透性,产生不同程度的内毒素血症和胃肠道损伤,诱发包括腹胀、恶心、痉挛和腹泻等胃肠道疾病症状;剧烈运动引起的应激会增加肠道炎症,瘤胃球菌、丁酸球菌和螺旋体菌门的丰富度增加,而乳酸杆菌属的丰富度减少^[37];运动员在长期高强度的运动训练中,肠道微生态的紊

乱可导致运动能力的下降,甚至出现胃肠道的损伤(图2a)。一项研究发现,长期耐力跑女性运动员的粪便中检测到普氏栖粪杆菌丰度增加且促炎因子释放增多,这可能与长期的高强度运动所致肠道微生态紊乱有关^[20]。Karl^[38]等人对挪威73名年轻军人51公里越野滑雪行军训练应激后肠道菌群和代谢进行研究,发现训练应激后宿主肠道通透性升高62%,血清中白细胞介素-6增加,肠道菌群丰富度及代谢产物显著改变,其中消化链球菌属、葡萄球菌属、嗜酸菌属、氨基酸球菌属及梭杆菌属等为代表的潜在有害菌群显著增加,而有利肠道粘膜屏障的菌群丰富度降低,血清中促炎因子增加,粪便代谢组学中发现精氨酸和半胱氨酸出现上调,这些结果提示,剧烈运动可造成肠道屏障功能的减退,可将肠道菌群变化与代谢变化作为应激条件下的保护干预措施之一。而运动员肠道菌群有利的变化可促进肠道上皮细胞的再生与修复,预防因长期应激状态所导致的肠道功能紊乱。充足水合状态对运动员的运动表现至关重要;肠道菌群通过增强肠道上皮细胞转运作用促进水合状态,维持肠道水合屏障功能的完整,预防肠道应激,增加运动员体液需求^[39]。肠道中厚壁菌门和拟杆菌门比值增加、乳杆菌属和另枝菌属丰富度增加,可刺激肠道上皮细胞分泌 Cl^- ,进而改变肠道上皮粘膜层厚度与改善上皮水合屏障的功能^[40]。由此推断,运动员肠道菌群的有利变化,可增强肠道屏障功能,增强肠道水合屏障的保护作用,对维持体液平衡起到至关重要的作用。

3.2 肠道菌群介导宿主能量代谢影响运动能力

正常情况下,肠道菌群产生的糖苷酶可酵解植物多糖或难以消化的多糖,一部分作为肠道菌群自身能量消耗,另外一部分分解为短链脂肪酸(short-chain fatty acids, SCFAs)影响宿主健康。而运动过程中ATP/ADP的比值下降,能量被骨骼肌大量消耗,可激活骨骼肌中能量代谢调节“感受器”5'-磷酸腺苷激活的蛋白激酶,可激活AMPK/PGC-1 α 通路,刺激骨骼中线粒体的功能增强,增强糖摄取与脂肪酸的氧化,产生ATP以维持能量的不足^[41];而肠道菌群作为宿主消化吸收的主要场所,其产生丁酸盐与运动过程中骨骼肌适应性变化的机制相似,肠道菌群产生SCFAs可激活AMPK/PGC-1 α 通路,诱导PGC-1 α

mRNA及蛋白表达增加,促进线粒体合成与功能增强,增强骨骼肌糖摄取和脂肪酸的氧化,从而在运动过程中调控宿主能量代谢水平^[42]。此外,SCFAs通过多种途径促进糖原的合成,但目前的作用机制尚不明确,可能是SCFAs激活AMPK(AMP-activated protein kinase)通路,刺激骨骼肌中GLUT4 mRNA和蛋白的表达,增强葡萄糖的摄取能力,进而增强肌糖原的合成底物,增加骨骼肌中糖原的储存^[43];SCFAs还可与G蛋白偶联受体FFAR2(free fatty acid receptor 2)和FFAR3(free fatty acid receptor 3)结合,刺激糖原合酶与乙酰辅酶A mRNA和酶的活性,促进葡萄糖代谢与增强脂肪酸氧化,进而间接影响糖原的合成与储存^[44](图2b)。而肠道菌群是SCFAs合成与加工的主要场所,在维持SCFAs水平的动态平衡中起到至关重要的作用。SCFA主要由肠道厌氧菌糖酵解抗性碳水化合物生成,拟杆菌属主要生成乙酸盐和丙酸盐,厚壁菌属主要生成丁酸盐^[45]。由此可推断,运动员在肠道菌群的变化中,产生的短链脂肪酸水平增加,从而影响宿主能量代谢,以此增强运动表现,提高竞技水平。

3.3 肠道菌群调控乳酸代谢影响运动表现

在运动过程中,因氧气不足或缺氧状态会促进骨骼肌产生过多的乳酸,乳酸的产生会影响骨骼肌的代谢失调、神经传导异常、骨骼肌微生态紊乱,进而产生疲劳影响宿主运动表现。而肠道菌群产生的SCFAs,可通过多种途径促进乳酸代谢,缓解运动性疲劳。研究表明,SCFAs可调控乳酸转运体的表达与活性增强,减轻骨骼肌中乳酸的堆积。运动过程中,SCFAs上调肌细胞表面的乳酸转运体1和乳酸转运体4的表达,增强乳酸从肌肉向周围快速转运的能力,有助于减少乳酸的堆积,减轻或预防运动性疲劳。此外,SCFAs还可进入线粒体中参与乳酸的代谢,在有氧运动时,SCFAs在乳酸脱氢酶的催化作用下,可将肌肉中的乳酸转变为乙酸,进入线粒体中参与三羧酸循环,最终分解成水和二氧化碳排出体外^[46](图2c)。这不仅为运动过程中能量的缺少起到补充,而且可减轻乳酸的堆积,起到缓解疲劳的作用。运动员肠道菌群的有利变化,造就了乳酸清除能力的增强,进而缓解疲劳并提升运动表现。

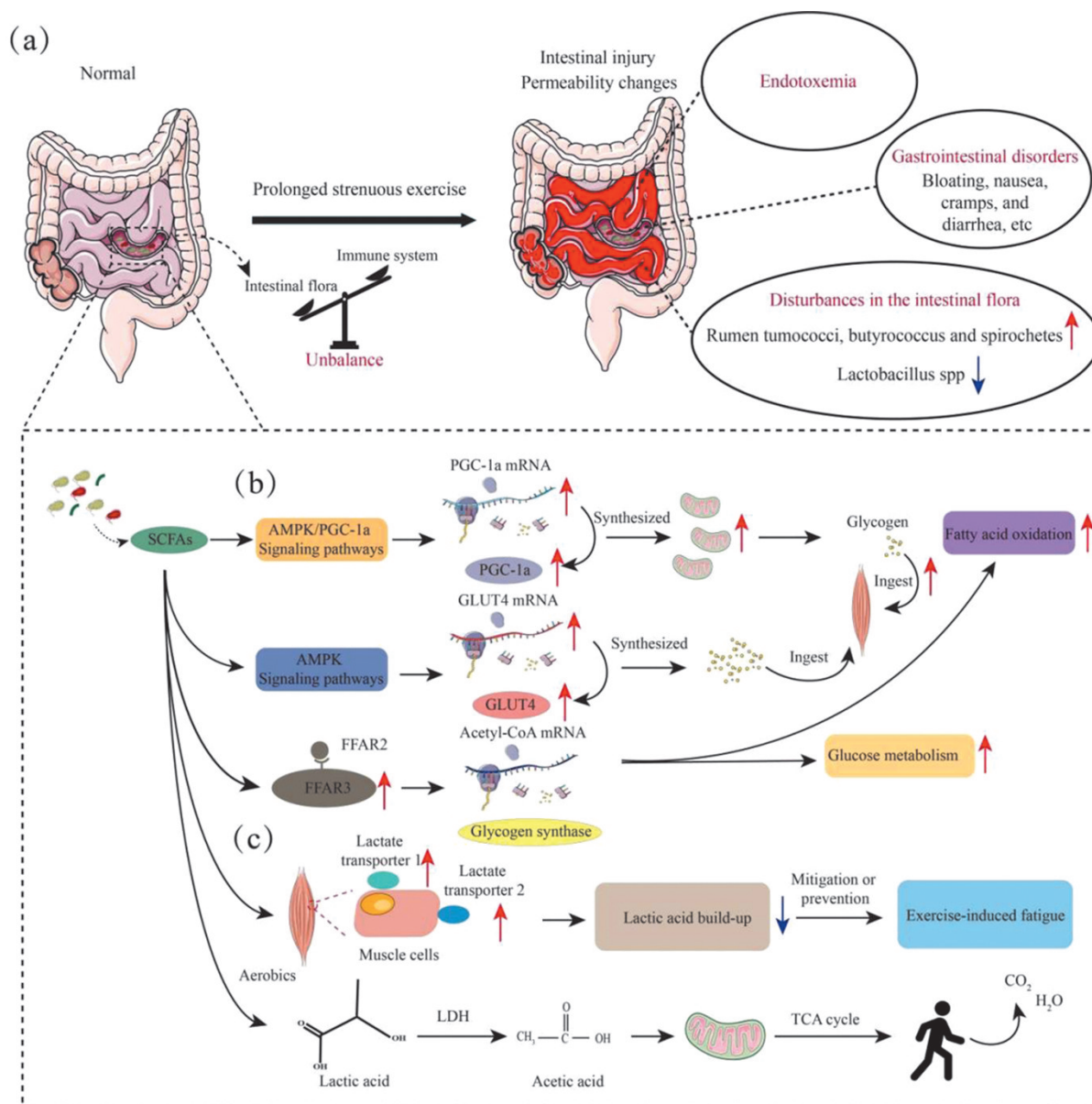


图 2 肠道菌群在介导运动表现中的作用机制

图注:SCFAs,短链脂肪酸;GLUT 4,葡萄糖转运体 4;Glycogen,糖原;Acetyl-coA,乙酰辅酶 A;FFAR2,G 蛋白偶联受体 2;FFAR3,G 蛋白偶联受体 3;Lactic acid,乳酸;Acetic acid,醋酸;TCA,三羧酸循环;Lactate transporter 1,乳酸转运体 1;Lactate transporter 2,乳酸转运体 2;Glycogen synthase,糖原合酶;LDH,乳酸脱氢酶

4 小结与展望

高水平运动员具有显著的生理和代谢适应性特征,包括人种差异、肌肉力量、有氧耐力、能量消耗等,而运动疲劳是运动员大负荷训练经常要面对的问题,目前补充益生菌对运动员肠道菌群影响的研究仍较少,但部分研究证明了补充益生菌对运动员运动能力

的提高有一定作用。因此,开发运动相关的特异性微生物生态制剂或菌株对运动员提高比赛成绩具有重要的应用价值。未来的研究应该采用更先进的高通量测序和多组学生物信息分析,探索肠道微生物群对运动员运动表现以及运动干预效应的作用机制,开发微生物生态制剂以调节机体的肠道微生物群,从而增强运动员的运动表现和促进锻炼者的健康水平。

参考文献

- [1] BARKO PC, MCMICHAEL MA, SWANSON KS, et al. The gastrointestinal microbiome: A review[J]. *J Vet Intern Med*, 2018, 32: 9-25.
- [2] NAQVI S, ASAR TO, KUMAR V, et al. A cross-talk between gut microbiome, salt and hypertension[J]. *Biomed Pharmacother*, 2021, 134: 111156.
- [3] ZHANG S, CAI Y, MENG C, et al. The role of the microbiome in diabetes mellitus [J]. *Diabetes Res Clin Pract*, 2021, 172: 108645.
- [4] SAFARI Z, GÉRARD P. The links between the gut microbiome and non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD) [J]. *Cell Mol Life Sci*, 2019, 76(08): 1541-1558.
- [5] DAO MC, EVERARD A, ARON-WISNEWSKY J, et al. Akkermansia muciniphila and improved metabolic health during a dietary intervention in obesity: Relationship with gut microbiome richness and ecology [J]. *Gut*, 2016, 65 (03): 426-436.
- [6] MATSUMOTO M, INOUE R, TSUKAHARA T, et al. Voluntary running exercise alters microbiota composition and increases n-butyrate concentration in the rat cecum [J]. *Biosci Biotechnol Biochem*, 2008, 72(02): 572-576.
- [7] PETERSEN LM, BAUTISTA EJ, NGUYEN H, et al. Community characteristics of the gut microbiomes of competitive cyclists [J]. *Microbiome*, 2017, 5(01): 98.
- [8] KULECKA M, FRACZEK B, MIKULA M, et al. The composition and richness of the gut microbiota differentiate the top Polish endurance athletes from sedentary controls [J]. *Gut Microbes*, 2020, 11(05): 1374-1384.
- [9] BIELIK V, HRIC I, UGRAYOVÁS, et al. Effect of high-intensity training and probiotics on gut microbiota diversity in competitive swimmers: Randomized controlled trial [J]. *Sports Med Open*, 2022, 8(01): 64.
- [10] SCHEIMAN J, LUBER JM, CHAVKIN TA, et al. Meta-omics analysis of elite athletes identifies a performance-enhancing microbe that functions via lactate metabolism [J]. *Nat Med*, 2019, 25(07): 1104-1109.
- [11] JANG LG, CHOI G, KIM SW, et al. The combination of sport and sport-specific diet is associated with characteristics of gut microbiota: An observational study [J]. *J Int Soc Sports Nutr*, 2019, 16(01): 21.
- [12] TABONE M, BRESSA C, GARCÍA-MERINO JA, et al. The effect of acute moderate-intensity exercise on the serum and fecal metabolomes and the gut microbiota of cross-country endurance athletes [J]. *Sci Rep*, 2021, 11(01): 3558.
- [13] CLARKE SF, MURPHY EF, O'SULLIVAN O, et al. Exercise and associated dietary extremes impact on gut microbial diversity [J]. *Gut*, 2014, 63(12): 1913-1920.
- [14] O'DONOVAN CM, MADIGAN SM, GARCIA-PEREZ I, et al. Distinct microbiome composition and metabolome exists across subgroups of elite Irish athletes [J]. *J Sci Med Sport*, 2020, 23(01): 63-68.
- [15] BRESSA C, BAILÉN-ANDRINO M, PÉREZ-SANTIAGO J, et al. Differences in gut microbiota profile between women with active lifestyle and sedentary women [J]. *PLoS One*, 2017, 12(02): e0171352.
- [16] MORENO-PÉREZ D, BRESSA C, BAILÉN M, et al. Effect of a protein supplement on the gut microbiota of endurance athletes: A randomized, controlled, double-blind pilot study [J]. *Nutrients*, 2018, 10(03): 337.
- [17] LIANG R, ZHANG S, PENG X, et al. Characteristics of the gut microbiota in professional martial arts athletes: A comparison between different competition levels [J]. *PLoS One*, 2019, 14(12): e0226240.
- [18] HINTIKKA JE, MUNUKKA E, VALTONEN M, et al. Gut microbiota and serum metabolome in elite cross-country skiers: a controlled study [J]. *Metabolites*, 2022, 12(04): 335.
- [19] BARTON W, PENNEY NC, CRONIN O, et al. The microbiome of professional athletes differs from that of more sedentary subjects in composition and particularly at the functional metabolic level [J]. *Gut*, 2018, 67(04): 625-633.
- [20] MORISHIMA S, AOI W, KAWAMURA A, et al. Intensive, prolonged exercise seemingly causes gut dysbiosis in female endurance runners [J]. *J Clin Biochem Nutr*, 2021, 68(03): 253-258.
- [21] MOHR AE, JÄGER R, CARPENTER KC, et al. The athletic gut microbiota [J]. *J Int Soc Sports Nutr*, 2020, 17(01): 24-57.
- [22] SÁNCHEZ, B. DELGADO, S. BLANCO-MÍGUEZ, et al. Probiotics, gut microbiota, and their influence on host health and disease [J]. *Mol Nutr Food Res*, 2017, 61(01): 1600240.
- [23] HIBBERD, YDE, ZIEGLER, et al. Probiotic or synbiotic alters the gut microbiota and metabolism in a randomised controlled trial of weight management in overweight adults [J]. *Benef. Microbes*, 2019, 10(09): 121-135.
- [24] FLINT HJ, SCOTT KP, DUNCAN SH, et al. Microbial degradation of complex carbohydrates in the gut [J]. *Gut Microbes*, 2012, 3(04): 289-306.
- [25] HSU YJ, CHIU CC, LI YP, et al. Effect of intestinal microbiota on exercise performance in mice [J]. *J Strength Cond Res*, 2015, 29(02): 552-558.
- [26] DUCRAY HAG, GLOBAL L, PUSTOVYY O, et al. Prevention of excessive exercise-induced adverse effects in rats with Ba-

- cillus subtilis BSB3 [J]. J Appl Microbiol, 2020, 128 (04) : 1163-1178.
- [27] ÜNSAL C, ÜNSAL H, EKICI M, et al. The effects of exhaustive swimming and probiotic administration in trained rats; Oxidative balance of selected organs, colon morphology, and contractility [J]. Physiol Int, 2018, 105 (04) : 309-324.
- [28] JÄGER R, MOHR AE, CARPENTER KC, et al. International society of sports nutrition position stand; Probiotics [J]. J Int Soc Sports Nutr, 2019, 16 (01) : 62-73.
- [29] CHEN YM, WEI L, CHIU YS, et al. Lactobacillus plantarum twk10 supplementation improves exercise performance and increases muscle mass in mice [J]. Nutrients, 2016, 8 (04) : 205.
- [30] HSU YJ, HUANG WC, LIN JS, et al. Kefir supplementation modifies gut microbiota composition, reduces physical fatigue, and improves exercise performance in mice [J]. Nutrients, 2018, 10 (07) : 862.
- [31] SOARES ADN, WANNER SP, MORAIS ESS, et al. Supplementation with saccharomyces boulardii increases the maximal oxygen consumption and maximal aerobic speed attained by rats subjected to an incremental-speed exercise [J]. Nutrients, 2019, 11 (10) : 2352.
- [32] GIRON M, THOMAS M, JARZAGUET M, et al. Lactocaseibacillus casei cncm i-5663 supplementation maintained muscle mass in a model of frail rodents [J]. Front Nutr, 2022, 9 : 928798.
- [33] SALARKIA N, GHADAMLI L, ZAERI F, et al. Effects of probiotic yogurt on performance, respiratory and digestive systems of young adult female endurance swimmers; a randomized controlled trial [J]. Med J Islam Repub Iran, 2013, 27 (03) : 141-146.
- [34] SHING CM, PEAKE JM, LIM CL, et al. Effects of probiotics supplementation on gastrointestinal permeability, inflammation and exercise performance in the heat [J]. Eur J Appl Physiol, 2014, 114 (01) : 93-103.
- [35] STRASSER B, GEIGER D, SCHAUER M, et al. Probiotic supplements beneficially affect tryptophan-kynurenine metabolism and reduce the incidence of upper respiratory tract infections in trained athletes; A randomized, double-blinded, placebo-controlled trial [J]. Nutrients, 2016, 8 (11) : 752.
- [36] CHENG YC, LEE CC, LEE MC, et al. Effects of heat-killed lactiplantibacillus plantarum TWK10 on exercise performance, fatigue, and muscle growth in healthy male adults [J]. Physiol Rep, 2023, 11 (19) : e15835.
- [37] GROSICKI GJ, DURK RP, BAGLEY JR. Rapid gut microbiome changes in a world-class ultramarathon runner [J]. Physiol Rep, 2019, 7 (24) : e14313.
- [38] KARL JP, MARGOLIS LM, MADSLIEN EH, et al. Changes in intestinal microbiota composition and metabolism coincide with increased intestinal permeability in young adults under prolonged physiological stress [J]. Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol, 2017, 31 (06) : G559-G571.
- [39] MACH N, FUSTER-BOTELLA D. Endurance exercise and gut microbiota; A review [J]. J Sport Health Sci, 2017, 6 (02) : 179-197.
- [40] KEELY S, KELLY CJ, WEISSMUELLER T, et al. Activated fluid transport regulates bacterial-epithelial interactions and significantly shifts the murine colonic microbiome [J]. Gut Microbes, 2012, 3 (03) : 250-260.
- [41] HA CW, LAM YY, HOLMES AJ. Mechanistic links between gut microbial community dynamics, microbial functions and metabolic health [J]. World J Gastroenterol, 2014, 20 (44) : 16498-16517.
- [42] MIKA A, FLESHNER M. Early-life exercise may promote lasting brain and metabolic health through gut bacterial metabolites [J]. Immunol Cell Biol, 2016, 94 (02) : 151-157.
- [43] MORRISON DJ, PRESTON T. Formation of short chain fatty acids by the gut microbiota and their impact on human metabolism [J]. Gut Microbes, 2016, 7 : 189-200.
- [44] CORRÊA-OLIVEIRA R, FACHI JL, VIEIRA A, et al. Regulation of immune cell function by short-chain fatty acids [J]. Clin Transl Immunology, 2016, 5 : e73.
- [45] LOUIS P, FLINT HJ. Formation of propionate and butyrate by the human colonic microbiota [J]. Environ Microbiol, 2017, 19 (01) : 29-41.
- [46] BROOKS GA. The science and translation of lactate shuttle theory [J]. Cell Metab, 2018, 27 : 757-785.

[责任编辑 江国平]