

DIFFERENCES IN THE MICROBIOME OF ATHLETES DEPENDING ON THE MECHANISM OF ENERGY SUPPLY OF MUSCLE ACTIVITY**National University of Ukraine on Physical Education and Sport (Kyiv, Ukraine)****anastasiya.kaliga@gmail.com**

*The human gut microbiome significantly impacts physiological and biochemical processes in the human body, including metabolism and the immune system. In athletes, it may also contribute to increased adaptive capacity and endurance and improve athletic performance. So far, there are a few studies on the microbiome of athletes in different sports, most of which investigate differences between athletes and non-athletes. This study aims to determine the difference in the microbial composition of the intestines of athletes depending on the type of energy supply for muscle activity. The results of studies showing changes in the composition of the intestinal microbiome in athletes of various sports, including aerobic and anaerobic energy supply of muscle activity, were reviewed in detail. A comparative analysis of both common and unique bacterial species characteristic of athletes with both aerobic and anaerobic energy supplies, as well as control groups of people (non-athletes), was conducted. Numerous studies have noted an increase in faecal short-chain fatty acids (SCFAs) of microbial origin in athletes, which can be substrates for gluconeogenesis and lipogenesis and control the expression of large intestine genes involved in the immune response. The faecal samples of marathon runners were enriched in *Veillonella atypica*, a species capable of metabolising lactate into acetate and propionate of SCFAs using methylmalonyl-CoA. The Firmicutes/Bacteroides ratio has been shown to be associated with a higher $VO_2\max$ when it increases. The data obtained vary depending on the study design and the number of participants, which indicates significant difficulties in determining the biodiversity of the athletes' microbiome and identifying differences depending on the type of energy supply of muscle activity, which may be associated with many physiological and biochemical factors. Nevertheless, the findings highlight the potential link between the gut microbiota and different types of energy supply for muscle activity during exercise and indicate a symbiotic relationship in the adaptation of these physiological systems.*

Key words: gut microbiome, microbiota of athletes, anaerobic mechanism of energy supply, endurance.

Connection of the publication with planned research works.

The work is a fragment of the research work of the National University of Ukraine on Physical Education and Sport, "Influence of exogenous and endogenous factors on the course of adaptive reactions of the body to physical activity of different intensity" (state registration number 012U108187).

Introduction.

The human microbiome is biodiverse and consists of approximately 40 trillion microbial cells. There is ample evidence that it has a variety of properties and can influence metabolism, immunomodulation and other important functions of the host organism [1, 2, 3, 4].

The number of scientific publications in the National Center for Biotechnology Information (NCBI) on the gut microbiome has increased 24-fold over the past ten years compared to the period 2000-2014, confirming specialists' significant interest. However, the majority of publications are mainly concerned with the relationship between microbial composition and the risk of developing chronic diseases, including non-communicable and neurodegenerative diseases, as well as the correlation between dietary interventions and microbial composition. To date, only a few studies have been devoted to studying the microbiome of athletes depending on the energy supply of muscle activity. Most of these publications relate to aerobic exercise, presented mainly in combination with aerobic energy supply, for example, during training [2, 3, 4, 5, 6, 7].

The aim of the study.

To analyse the differences in the microbial composition of athletes, depending on the type of energy supply

of muscular activity, according to the data of works published over the past 10 years.

Main part.

The vast majority of publications on the study of athletes' microbiomes relate to sports where the aerobic mechanism of energy supply prevails, especially endurance sports. There are much fewer studies of the gut microbiome of athletes involved in sports with mixed and anaerobic energy supply mechanisms.

Craven et al. studied 14 middle-distance runners during training periods of different intensities and found that changes in training volume did not affect the alpha diversity and global composition of the gut microbiome but found that after high-intensity exercise (HVoITr), the levels of Pasterellaceae, Lachnospiraceae, Haemophilus, S. parasagunis, and H. parainfluenzae and significantly increased the level of R. callidus. Thus, the increase in training volume resulted in several changes at lower levels of the taxonomy, which did not return to previous levels even after the change in training volume [8].

Observations of top-performing athletes in Japan, including ten short trackers, revealed that anaerobic power efficiency was associated with bacteria of the genus Fusicatenibacter, which showed an upward trend. Bacteria of the genus Fusicatenibacter promote the breakdown of lactose and produce organic acids in the gut, including lactic acid and short-chain fatty acids, which, when absorbed in the large intestine, pass through the liver's portal vein and are metabolised to glycogen and fatty acids in the liver and muscles for energy. Gut bacteria may thus be associated with glycolytic mechanisms of energy metabolism, such as glycogen storage and lactate metabolism in muscle [9].

Li et al., in a multicohort study, found that *Escherichia/Shigella*, *Weissella*, *Lactobacillus*, *Romboutsia*, *Rummeliibacillus*, *Clostridia* UCG-014, *Alistipes*, *Akkermansia*, *Haemophilus* bacteria positively correlated with such indicators as anaerobic upper limb workload, maximal anaerobic power and average anaerobic power in a group of male wrestlers [10].

Energy availability is an important limiting factor for endurance athletes, whose gut microbiome is currently the most studied to date. After a few minutes of muscle contraction, the concentration of creatine phosphate decreases, which leads to the need for other substrates, synthesising specific molecules necessary to restore homeostasis. Mitochondria are limited in their ability to oxidise all the pyruvate produced during intense exercise, which leads to its conversion to lactate in the myoplasm, which can cause fatigue. At the same time, lipolysis of adipose tissue provides an increase in fatty acids and the ability to capture free fatty acids in the blood plasma. Therefore, research is focusing on identifying bacterial types, including *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Propionibacterium*, *Eubacterium*, *Lactobacillus*, *Clostridium*, *Roseburia* and *Prevotella*, that produce short-chain fatty acids, mainly acetate, propionate and butyrate, because of their ability to be substrates for gluconeogenesis and lipogenesis, as well as to control large intestine gene expression, involved in the immune response, which is important because endurance athletes have a high prevalence of upper respiratory tract infections and gastrointestinal (GI) tract symptoms, including increased permeability of the GI epithelial wall, mucosal thickness, and higher rates of bacterial translocation [11, 12].

In addition to energy production, the gut microbiome also has a significant impact on skeletal muscle renewal and maintenance, which is an important factor in all sports, but especially in static sports. One of the obvious mechanisms affecting these functions is protein metabolism [1].

An observational study comparing the faecal bacterial profile of elite male rugby players with healthy non-athletes showed that the α -diversity of the microbiota of elite athletes was significantly higher (22 bacterial types were detected compared to 11 bacterial types in the control group). In particular, there was a greater diversity among the Firmicutes type, while the Bacteroidetes taxon was less common. In addition, both rugby athletes and control subjects with a low body mass index (BMI) had higher proportions of bacteria of the genus *Akkermansia* [13].

Sheiman et al. found that *Veillonella atypica* was highly enriched in faecal samples from marathon runners. This is in line with another study that noted a dramatic increase in *Veillonella* and *Streptococcus* genera in the gut of ultra-marathon runners after the race. In addition to this, Scheimann et al. noted that supplementing mice with *V. atypica* isolated from marathon faecal samples significantly improved their performance on the treadmill. *V. atypica* improves endurance performance by metabolising exercise-induced lactate into propionate, thus stimulating a natural enzymatic process encoded in the microbiome that improves athletic performance. Although *Veillonella* species can cause infections in humans, in athletes, they are able to metabolise lactate into acetate and propionate of SCFAs via methylmalonyl-CoA [14, 15, 16].

A link has been proposed between maximum oxygen consumption ($VO_2\max$) and the gut microbiota, suggesting that $VO_2\max$ is positively correlated with the gut microbiota, more specifically with the metabolic functions of bacteria. Studies show that cardiorespiratory fitness correlates with an increase in microbial community diversity. These results focus on functions rather than taxa. Similarly, it has been suggested that when increased, the Firmicutes/Bacteroides ratio is associated with a higher $VO_2\max$ [17].

The gut microbiome of the 33 cyclists was divided into three taxonomic clusters: one with a high *Prevotella* content, another with a high *Bacteroides* content, and one consisting of many genera, including *Bacteroides*, *Prevotella*, *Eubacterium*, *Ruminococcus* and *Akkermansia*. *Prevotella* counts were significantly correlated with increased exercise duration in professional cyclists. The number of *Methanobrevibacter smithii* transcripts also increased among professional cyclists compared to amateur cyclists. A study involving athletes engaged in walking has shown that at the initial stage, the microbiota can be divided into enterotypes dominated by *Prevotella* or *Bacteroides*. Intense physical activity combined with different nutritional strategies increased the relative abundance of *Bacteroides* and *Dorea* and decreased *Faecalibacterium* in the case of a low-carbohydrate/high-fat diet [18, 19, 20].

Numerous studies have reported an increase in faecal SCFAs of microbial origin, especially butyrate, in athletes compared to controls. In their study, Estaki et al. noted that $VO_2\max$ in humans was strongly correlated with butyrate production along with butyrate-producing bacteria such as Clostridiales, *Roseburia*, Lachnospiraceae, and Erysipelotrichaceae [17].

It has been suggested that the gut microbiota composition may differ in different sports modalities. Mohr et al. and Aya et al. summarised that alpha and beta diversity did not show differences between sports in most cases. However, in a study of Irish athletes, a greater diversity of *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Prevotella* and *Faecalibacterium* species was found in the gut of athletes competing in sports with a predominant aerobic energy supply for muscle activity [21, 22, 23].

In 2024, a study was published comparing changes in the microbiome of three groups of participants (1 – athletes involved in strength sports, 2 – athletes engaged in endurance sports, 3 – control group) that use different energy systems (Wingate test and treadmill test according to the Bruce protocol). A negative correlation was found between *Bacteroides* species and $VO_2\max$ and a positive correlation between *Prevotella* and $VO_2\max$. The ratio of *Prevotella* to *Bacteroides* is known to be associated with improved glucose metabolism and increased glycogen storage. There was also a positive correlation between SCFAs' producers (*Blautia wexlerae*, *Eubacterium rectale* and *Intestinimonas timonensis*) and maximum power output during the Wingate test [24].

In a recent study, Olbricht et al. attempted to establish the universal microbiome composition of endurance athletes but concluded that there were no consistent statistically significant microbial associations associated with exercise, except for a negative correlation between *Prevotella* and *Bacteroides* [25].

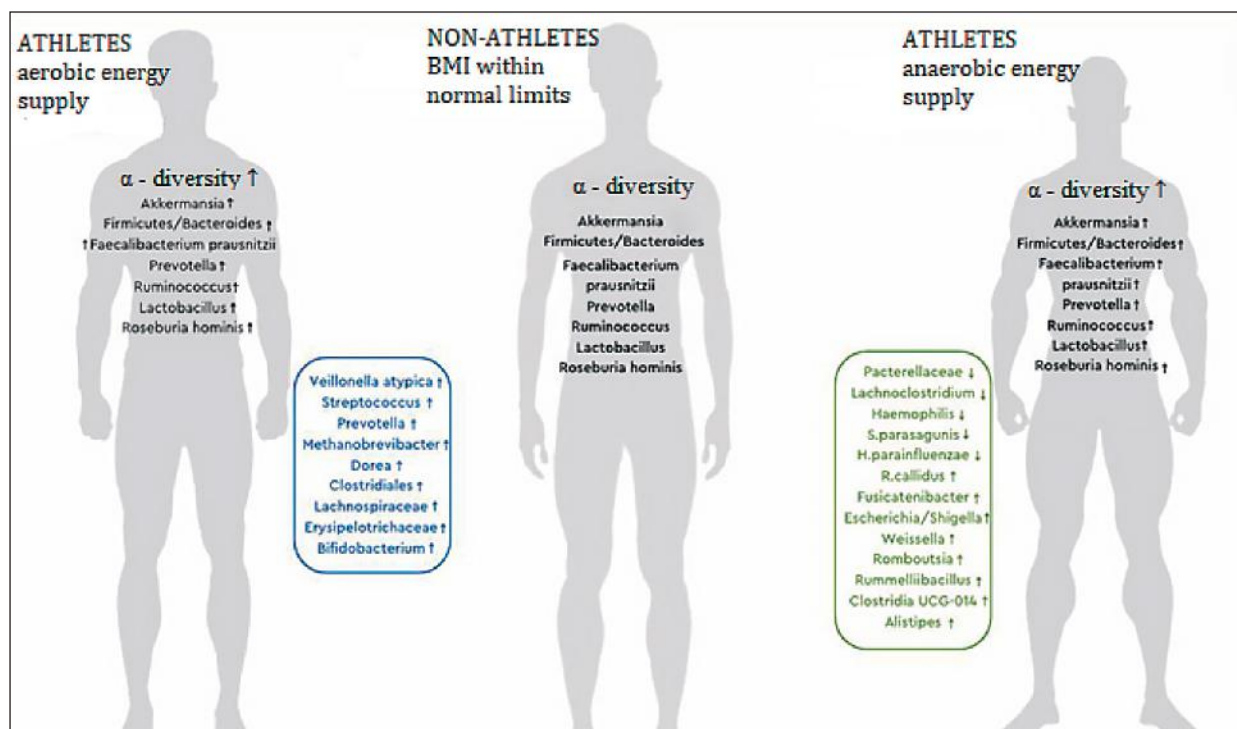


Figure – Differences in the gut microbial composition of athletes and non-athletes.

Differences in the gut microbial composition of athletes depending on the type of energy supply of muscle activity and non-athletes are shown in the figure.

Conclusions.

The data obtained indicate significant difficulties in determining the biodiversity of the microbiome of athletes and identifying differences depending on the type of energy supply of muscle activity, which may be due to the influence of many factors, such as training regimen and duration, diet and nutrition, stress and injury.

Undoubtedly, gut bacteria can be associated with glycolytic mechanisms of energy metabolism, such as glycogen storage and lactate metabolism in the muscles.

Numerous studies have confirmed an increase in faecal short-chain fatty acids of microbial origin in ath-

letes, which may be substrates for gluconeogenesis and lipogenesis, as well as controlling the expression of large intestine genes involved in the immune response.

The above results highlight the potential link between the gut microbiota and various types of energy supply for muscle activity during exercise and indicate a symbiotic relationship in the adaptation of physiological systems.

Prospects for further research.

To investigate the microbiome's composition in sports with aerobic and anaerobic energy supply of muscle activity at the functional level to determine the adaptive capabilities of athletes.

DOI 10.29254/2077-4214-2024-2-173-95-102

УДК 612.015.3:612.336.3:796.01

Палладіна О. Л., Каліга А. М.

ВІДМІННОСТІ МІКРОБІОМУ СПОРТСМЕНІВ В ЗАЛЕЖНОСТІ ВІД МЕХАНІЗМУ ЕНЕРГОЗАБЕЗПЕЧЕННЯ М'ЯЗОВОЇ ДІЯЛЬНОСТІ

Національний університет фізичного виховання і спорту України (м. Київ, Україна)

anastasiya.kaliga@gmail.com

Мікробіом кишківника людини має значний вплив на фізіологічні та біохімічні процеси в організмі людини, в тому числі на метаболізм та імунну систему, а у атлетів може також сприяти підвищенню адаптивних можливостей і витривалості, а також покращувати спортивні досягнення. Дотепер існує незначна кількість робіт, присвячених мікробіому атлетів у різних видах спорту, більшість з яких досліджує відмінності між спортсменами та людьми, які не займаються спортом. Мета цієї роботи - встановити різницю у мікробному складі кишківника атлетів залежно від виду енергозабезпечення м'язової діяльності. Було детально розглянуто результати досліджень, що показують зміни у складі кишкового мікробіому у спортсменів різних видів спорту, включаючи аеробне та анаеробне енергозабезпечення м'язової діяльності, та проведено порівняльний аналіз як спільних, так і унікальних видів бактерій, властивих атлетам, як з аеробним, так і з анаеробним енергозабезпеченням, а також контрольним групам людей (не спортсменів). Чисельні дослідження відзначили збільшення у спортсменів фекальних коротколанцюгових

жирних кислот (КЛЖК) мікробного походження, що можуть бути субстратами для глюконеогенезу та ліпогенезу, а також контролювати експресію генів товстої кишки, залучених до імунної відповіді. У зразках фекалій марафонців був збагачений вид *Veillonella atypica*, що здатний метаболізувати лактат в ацетат і пропіонат КЛЖК за допомогою метилмалоніл-КоА. Було показано, що співвідношення *Firmicutes/Bacteroides*, коли воно збільшується, пов'язане з вищим $VO_2\text{max}$. Отримані дані різняться залежно від дизайну досліджень та кількості учасників, що свідчить про значні складнощі визначення біорізноманіття мікробіому спортсменів та виявлення відмінностей в залежності від виду енергозабезпечення м'язової діяльності, що може бути пов'язано з багатьма фізіологічними та біохімічними факторами. Тим не менш, встановлені результати підкреслюють потенційний зв'язок між кишковою мікробіотою та різними видами енергозабезпечення м'язової діяльності при заняттях спортом та вказують на симбіотичні відносини в адаптації цих фізіологічних систем.

Ключові слова: мікробіом кишківника, мікробіота атлетів, анаеробний механізм енергозабезпечення, витривалість.

Зв'язок публікації з плановими науково-дослідними роботами.

Робота є фрагментом НДР Національного університету фізичного виховання і спорту України «Вплив екзогенних та ендогенних факторів на перебіг адаптаційних реакцій організму до фізичних навантажень різної інтенсивності» (державний реєстраційний номер 012U108187).

Вступ.

Мікробіом людини відрізняється біорізноманіттям та складається приблизно з 40 трильйонів мікробних клітин. Існують чисельні підтвердження того, що йому притаманні різноманітні властивості, і він може впливати на метаболізм, імунomodуляцію та інші важливі функції організму хазяїна [1, 2, 3, 4].

Кількість наукових публікацій у Національному центрі біотехнологічної інформації NCBI, присвячених вивченню кишкового мікробіому, за останні 10 років зросла у 24 рази, порівняно з періодом 2000-2014рр., що підтверджує значний інтерес фахівців. Однак, більшість публікацій стосується в основному вивчення зв'язку між мікробним складом та ризиком розвитку хронічних захворювань, в тому числі неінфекційних та нейродегенеративних захворювань, а також кореляції дієтичних інтервенцій та мікробного складу. На сьогодні лише незначна кількість робіт присвячена вивченню мікробіому атлетів в залежності від енергозабезпечення м'язової діяльності. Більшість з цих публікацій стосуються саме аеробних навантажень, а анаеробні навантаження представлені в основному в комбінації з аеробним енергозабезпеченням, наприклад, під час тренувань [2, 3, 4, 5, 6, 7].

Мета дослідження.

Проаналізувати відмінності у мікробному складі атлетів, залежно від виду енергозабезпечення м'язової діяльності, за даними робіт, що були опубліковані за останні 10 років.

Основна частина.

Переважає кількість публікацій по вивченню мікробіому спортсменів стосується тих видів спорту, де переважає аеробний механізм енергозабезпечення, особливо видів спорту на витривалість. Значно менше представлені дослідження мікробіому кишечника спортсменів, що займаються видами спорту із змішаним та анаеробним механізмом енергозабезпечення.

Craven et al. досліджували 14 бігунів на середні дистанції протягом періодів тренувань різної інтенсивності та виявили, що зміна обсягу тренування не вплинула на альфа-різноманітність і глобальний

склад мікробіому кишечника, але встановили, що після навантажень високої інтенсивності (HVolTr) знижується рівень *Pasterellaceae*, *Lachnoclostridium*, *Haemophilus*, *S. parasagunis*, і *H. parainfluenzae* і значно підвищується рівень *R. callidus*. Отже, збільшення тренувального обсягу призвело до кількох змін на нижчих рівнях таксономії, які не повернулися до попередніх рівнів навіть після зміни обсягу тренувань [8].

Спостереження за атлетами вищих досягнень у Японії, серед яких було 10 шорт-трекерів виявили, що ефективність анаеробної потужності була пов'язана з бактеріями роду *Fusicatenibacter*, які демонстрували тенденцію до зростання. Бактерії роду *Fusicatenibacter* сприяють розпаду лактози та виробляють органічні кислоти в кишківнику, включаючи молочну кислоту та коротколанцюгові жирні кислоти, які, абсорбуючись у товстому кишечнику, проходять через ворітну вену печінки та метаболізуються до глікогену та жирних кислот у печінці та м'язах для забезпечення енергією. Кишкові бактерії, таким чином, можуть бути пов'язані з гліколітичними механізмами метаболізму енергії, такими як зберігання глікогену та метаболізмом лактату в м'язах [9].

Li et al. у мультикогортному дослідженні встановили, що бактерії *Escherichia/Shigella*, *Weissella*, *Lactobacillus*, *Romboutsia*, *Rummeliibacillus*, *Clostridia* UCG-014, *Alistipes*, *Akkermansia*, *Haemophilus* позитивно корелюють з такими показниками як анаеробне робоче навантаження на верхні кінцівки, максимальна анаеробна потужність і середня анаеробна потужність у групі чоловіків-реслерів [10].

Щодо спортсменів у видах спорту на витривалість, мікробіом кишківника яких на сьогоднішній день досліджується найбільше, доступність енергії у них є важливим обмежуючим фактором. Через кілька хвилин м'язових скорочень концентрація креатинфосфату знижується, що призводить до необхідності використання інших субстратів, що веде до синтезу специфічних молекул, необхідних для відновлення гомеостазу. Мітохондрії лімітовані у свої здатності окислити весь піруват, який утворюється під час інтенсивних фізичних навантажень, що призводить до його перетворення на лактат у міоплазмі, що може спричинити втому. У той же час ліполіз жирової тканини забезпечує збільшення жирних кислот, а також здатності захоплення вільних жирних кислот у плазмі крові. Тому дослідження концентруються на виявленні типів бактерій, включаючи *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Propionibacterium*, *Eubacterium*,

Lactobacillus, *Clostridium*, *Roseburia* та *Prevotella*, які виробляють коротколанцюгові жирні кислоти, головним чином ацетат, пропіонат та бутират, через їх здатність бути субстратами для глюконеогенезу та ліпогенезу, а також контролювати експресію генів товстої кишки, залучених до імунної відповіді, що є важливим тому, що спортсмени, які займаються спортом на витривалість, мають високу поширеність інфекцій верхніх дихальних шляхів і симптомів у шлунково-кишковому тракті (ШКТ), включаючи підвищену проникність епітеліальної стінки ШКТ, порушення товщини слизової оболонки та вищі показники транслокації бактерій [11, 12].

Крім виробництва енергії, кишковий мікробіом також має значний вплив на оновлення та підтримку скелетних м'язів, що є важливим фактором у всіх видах спорту, але особливо в статичних видах спорту. Одним з очевидних механізмів, що впливає на ці функції, є білковий обмін [1].

Обсерваційне дослідження, у якому порівнювали фекальний бактеріальний профіль елітних регбістів-чоловіків із здоровими суб'єктами, які не були спортсменами, показало, що α -різноманітність мікробіоти елітних спортсменів була значно вищою (виявлено 22 типи бактерій по відношенню до 11 типів бактерій у контрольній групі). Зокрема, більша різноманітність була серед типу *Firmicutes*, тоді як таксон *Bacteroidetes* був менш поширеним. Також і у атлетів-регбістів, і у суб'єктів контрольної групи з низьким індексом маси тіла (ІМТ) були вищі частки бактерій роду *Akkermansia* [13].

Sheiman et al. визначили, що вид *Veillonella atypica* сильно збагачений у зразках фекалій марафонців. Це узгоджується з іншим дослідженням, яке відзначило різке збільшення родів *Veillonella* та *Streptococcus* у кишечнику ультрамарафонців після гонки. На додаток до цього, Scheimann et al. відзначили, що додавання мишам *V. atypica*, виділеного із зразків фекалій

марафонців, значно покращило їх роботу на біговій доріжці. *V. atypica* підвищує показники витривалості за рахунок метаболічного перетворення індукованого фізичними вправами лактату в пропіонат, таким чином стимулюючи природний ферментативний процес, кодований мікробіомом, який покращує спортивні результати. Види *Veillonella*, хоч і можуть викликати інфекції у людей, у спортсменів здатні метаболізувати лактат в ацетат і пропіонат КЛЖК за допомогою метилмалоніл-КоА [14, 15, 16].

Було запропоновано зв'язок між максимальним споживанням кисню (VO_{2max}) і кишковою мікробіотою, припускаючи, що VO_{2max} позитивно корелює з мікробіотою кишечника, точніше з метаболічними функціями бактерій. Дослідження показують, що кардіореспіраторна пристосованість корелює зі збільшенням різноманітності мікробної спільноти. Дані результати зосереджені на функціях більшою мірою, ніж на таксонах. Подібним чином, було припущено, що співвідношення *Firmicutes/Bacteroides*, коли воно збільшується, пов'язане з вищим VO_{2max} [17].

Кишковий мікробіом 33 велосипедистів розділили на три таксономічні кластери: один із високим вмістом *Prevotella*, інший із високим вмістом *Bacteroides* і один, який складається з багатьох родів, включаючи *Bacteroides*, *Prevotella*, *Eubacterium*, *Ruminococcus* та *Akkermansia*. Кількість *Prevotella* значно корелювала із збільшенням тривалості фізичного навантаження у професійних велосипедистів. Кількість транскриптів *Methanobrevibacter smithii* також була збільшена у професійних велосипедистів порівняно з велосипедистами-любителями. Дослідження за участю атлетів, які займаються спортивною ходьбою, показало, що на початковому етапі мікробіота може бути розділена на енетеротипи з домінуванням *Prevotella* або *Bacteroides*. Інтенсивні фізичні навантаження в поєднанні з різними стратегіями харчування збільшили відносну кількість *Bacteroides* і *Dorea* і зменшили

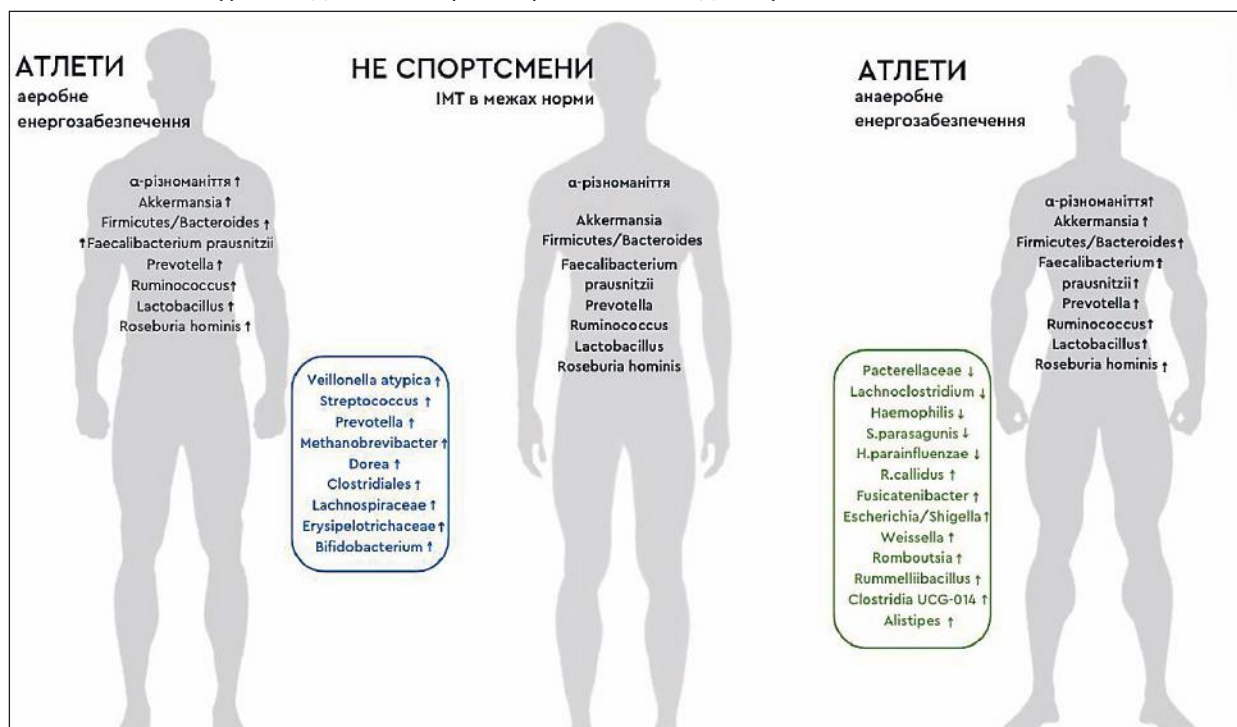


Рисунок – Відмінності мікробного складу кишківника атлетів та не атлетів.

Faecalibacterium у випадку дієти з низьким вмістом вуглеводів/високим вмістом жиру [18, 19, 20].

Численні дослідження відзначили збільшення у спортсменів фекальних КЛЖК мікробного походження, особливо бутирату, порівняно з контрольною групою. У своєму дослідженні Estaki et al. відзначили, що VO_{2max} у людей сильно корелював із виробництвом бутирату разом із бактеріями, що виробляють бутират, такими як Clostridiales, Roseburia, Lachnospiraceae та Erysipelotrichaceae [17].

Було висловлено припущення, що склад кишкової мікробіоти може відрізнятися в різних спортивних модальностях. Роботи Mohr et al. і Aya et al. резюмували, що в більшості випадків альфа – та бета-різноманітність не показує відмінностей між видами спорту. Однак, у дослідженні ірландських атлетів було виявлено більшу різноманітність видів Bifidobacterium, Lactobacillus, Prevotella та Faecalibacterium у кишечнику спортсменів, які змагаються у видах спорту з переважанням аеробним енергозабезпеченням м'язової діяльності [21, 22, 23].

У 2024 році було опубліковано дослідження, в якому порівнювали зміни у мікробіомі трьох груп учасників (1 – атлети, що займаються силовими видами спорту, 2 – атлети, що займаються видами спорту на витривалість, 3 – контрольна група), які задіюють різні енергетичні системи (тест Вінгейта і тредміл-тест згідно з протоколом Брюса). Було встановлено негативну кореляцію між видами Bacteroides і VO_{2max} та позитивну кореляцію між Prevotella та VO_{2max} . Як відомо, співвідношення Prevotella до Bacteroides пов'язане з покращенням метаболізму глюкози і збільшенням накопичення глікогену. Також була встановлена позитивна кореляція між продуцентами КЛЖК (Blautia wexlerae, Eubacterium rectale та Intestinimonas timonensis) та максимальною потужністю під час тесту Вінгейта [24].

У нещодавньому дослідженні Olbricht et al. намагались встановити універсальний склад мікробіому

атлетів, що займаються видами спорту на витривалість, однак зробили висновок, що немає постійних статистично значимих мікробних асоціацій, пов'язаних з фізичними навантаженнями, окрім негативної кореляції між Prevotella та Bacteroides [25].

Відмінності мікробного складу кишківника спортсменів залежно від виду енергозабезпечення м'язової діяльності та суб'єктів не спортсменів зображені на рисунку.

Висновки.

Отримані дані свідчать про значні складнощі визначення біорізноманіття мікробіому спортсменів та виявлення відмінностей в залежності від виду енергозабезпечення м'язової діяльності, що може бути пов'язано з впливом багатьох факторів, таких як режим і тривалість тренувань, режим та раціон харчування, стреси та травми.

Безперечно, кишкові бактерії можуть бути пов'язані з гліколітичними механізмами метаболізму енергії, такими як зберігання глікогену та метаболізмом лактату в м'язах.

Чисельні дослідження підтверджують збільшення у спортсменів фекальних коротколанцюгових жирних кислот мікробного походження, що можуть бути субстратами для глюконеогенезу та ліпогенезу, а також контролювати експресію генів товстої кишки, залучених до імунної відповіді.

Наведені вище результати підкреслюють потенційний зв'язок між кишковою мікробіотою та різними видами енергозабезпечення м'язової діяльності при заняттях спортом та вказують на симбіотичні відносини в адаптації фізіологічних систем.

Перспективи подальших досліджень.

Дослідити склад мікробіому у видах спорту з аеробним та анаеробним енергозабезпеченням м'язової діяльності на функціональному рівні для визначення адаптаційних можливостей атлетів.

References / Література

- O'Brien MT, O'Sullivan O, Claesson MJ, Cotter PD. The Athlete Gut Microbiome and its Relevance to Health and Performance: A Review. Sports Med. 2022 Dec;52(1):119-128. DOI: [10.1007/s40279-022-01785-x](https://doi.org/10.1007/s40279-022-01785-x).
- Al Bander Z, Nitert MD, Mousa A, Naderpoor N. The Gut Microbiota and Inflammation: An Overview. Int J Environ Res Public Health. 2020 Oct 19;17(20):7618. DOI: [10.3390/ijerph17207618](https://doi.org/10.3390/ijerph17207618).
- Nieman DC, Wentz LM. The compelling link between physical activity and the body's defense system. J Sport Health Sci. 2019 May;8(3):201-217. DOI: [10.1016/j.jshs.2018.09.009](https://doi.org/10.1016/j.jshs.2018.09.009).
- Agirman G, Yu KB, Hsiao EY. Signaling inflammation across the gut-brain axis. Science. 2021;374(6571):1087-1092. DOI: [10.1126/science.abi6087](https://doi.org/10.1126/science.abi6087).
- Hughes RL. A Review of the Role of the Gut Microbiome in Personalized Sports Nutrition. Front Nutr. 2020;6:191. DOI: [10.3389/fnut.2019.00191](https://doi.org/10.3389/fnut.2019.00191).
- Clark A, Mach N. Exercise-induced stress behavior, gut-microbiota-brain axis and diet: a systematic review for athletes. J Int Soc Sports Nutr. 2016 Nov 24;13:43. DOI: [10.1186/s12970-016-0155-6](https://doi.org/10.1186/s12970-016-0155-6).
- Furber MJW, Young GR, Holt GS, Pyle S, Davison G, Roberts MG, et al. Gut Microbial Stability is Associated with Greater Endurance Performance in Athletes Undertaking Dietary Periodization. mSystems. 2022 Jun 28;7(3):e0012922. DOI: [10.1128/mSystems.00129-22](https://doi.org/10.1128/mSystems.00129-22).
- Craven J, Cox AJ, Bellinger P, Desbrow B, Irwin C, Buchan J, et al. The influence of exercise training volume alterations on the gut microbiome in highly-trained middle-distance runners. Eur J Sport Sci. 2022 Aug;22(8):1222-1230. DOI: [10.1080/17461391.2021.1933199](https://doi.org/10.1080/17461391.2021.1933199).
- Akazawa N, Nakamura M, Eda N, Murakami H, Nakagata T, Nanri H, et al. Gut microbiota alteration with training periodization and physical fitness in Japanese elite athletes. Front Sports Act Living. 2023 Jul 14;5:1219345. DOI: [10.3389/fspor.2023.1219345](https://doi.org/10.3389/fspor.2023.1219345).
- Li Y, Cheng M, Zha Y, Yang K, Tong Y, Wang S, et al. Gut microbiota and inflammation patterns for specialized athletes: a multi-cohort study across different types of sports. mSystems. 2023 Aug 31;8(4):e0025923. DOI: [10.1128/mSystems.00259-23](https://doi.org/10.1128/mSystems.00259-23).
- Cella V, Bimonte VM, Sabato C, Paoli A, Baldari C, Campanella M, et al. Nutrition and Physical Activity-Induced Changes in Gut Microbiota: Possible Implications for Human Health and Athletic Performance. Foods. 2021;10(12):3075. DOI: <https://doi.org/10.3390/foods10123075>.
- Clarke G, Stilling RM, Kennedy PJ, Stanton C, Cryan JF, Dinan TG. Minireview: Gut microbiota: the neglected endocrine organ. Mol Endocrinol. 2014 Aug;28(8):1221-38. DOI: [10.1210/me.2014-1108](https://doi.org/10.1210/me.2014-1108).
- Barton W, Penney NC, Cronin O, Garcia-Perez I, Molloy MG, Holmes E, et al. The microbiome of professional athletes differs from that of more sedentary subjects in composition and particularly at the functional metabolic level. Gut. 2018 Apr;67(4):625-633. DOI: [10.1136/gutjnl-2016-313627](https://doi.org/10.1136/gutjnl-2016-313627).
- Scheiman J, Lubner JM, Chavkin TA, MacDonald T, Tung A, Pham LD, et al. Meta-omics analysis of elite athletes identifies a performance-enhancing microbe that functions via lactate metabolism. Nat Med. 2019 Jul;25(7):1104-1109. DOI: [10.1038/s41591-019-0485-4](https://doi.org/10.1038/s41591-019-0485-4).

15. Kuibida V, Kokhanets P, Lopatynska V, Kadenko I. Physical activity and intestinal microbiota. Scientific journal National Pedagogical Dragomanov University. 2022;11K(156):41-46. DOI: [10.31392/NPU-nc.series15.2022.11K\(156\).09](https://doi.org/10.31392/NPU-nc.series15.2022.11K(156).09).
16. Louis P, Duncan SH, Sheridan PO, Walker AW, Flint HJ. Microbial lactate utilisation and the stability of the gut microbiome. Gut Microbiome. 2022;3:e3. DOI: [10.1017/gmb.2022.3](https://doi.org/10.1017/gmb.2022.3).
17. Estaki M, Pither J, Baumeister P, Little JP, Gill SK, Ghosh S, et al. Cardiorespiratory fitness as a predictor of intestinal microbial diversity and distinct metagenomic functions. Microbiome. 2016 Aug 8;4(1):42. DOI: [10.1186/s40168-016-0189-7](https://doi.org/10.1186/s40168-016-0189-7).
18. Clauss M, Gérard P, Mosca A, Leclerc M. Interplay Between Exercise and Gut Microbiome in the Context of Human Health and Performance. Front Nutr. 2021 Jun 10;8:637010. DOI: [10.3389/fnut.2021.637010](https://doi.org/10.3389/fnut.2021.637010).
19. Petersen LM, Bautista EJ, Nguyen H, Hanson BM, Chen L, Lek SH, et al. Community characteristics of the gut microbiomes of competitive cyclists. Microbiome. 2017 Aug 10;5(1):98. DOI: [10.1186/s40168-017-0320-4](https://doi.org/10.1186/s40168-017-0320-4).
20. Murtaza N, Burke LM, Vlahovich N, Charlesson B, O'Neill H, Ross ML, et al. The Effects of Dietary Pattern during Intensified Training on Stool Microbiota of Elite Race Walkers. Nutrients. 2019;11(2):261. DOI: [10.3390/nu11020261](https://doi.org/10.3390/nu11020261).
21. O'Donovan CM, Madigan SM, Garcia-Perez I, Rankin A, O'Sullivan O, Cotter PD. Distinct microbiome composition and metabolome exists across subgroups of elite Irish athletes. J Sci Med Sport. 2020 Jan;23(1):63-68. DOI: [10.1016/j.jsams.2019.08.290](https://doi.org/10.1016/j.jsams.2019.08.290).
22. Mohr AE, Jäger R, Carpenter KC, Kersick CM, Purpura M, Townsend JR, et al. The athletic gut microbiota. J Int Soc Sports Nutr. 2020 May 12;17(1):24. DOI: [10.1186/s12970-020-00353-w](https://doi.org/10.1186/s12970-020-00353-w).
23. Aya V, Flórez A, Perez L, Ramírez JD. Association between physical activity and changes in intestinal microbiota composition: A systematic review. PLoS One. 2021 Feb 25;16(2):e0247039. DOI: [10.1371/journal.pone.0247039](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0247039).
24. Humińska-Lisowska K, Zielińska K, Mieszkowski J, Michałowska-Sawczyn M, Cięszczyk P, Łabaj PP, et al. Microbiome features associated with performance measures in athletic and non-athletic individuals: A case-control study. PLoS One. 2024;19(2):e0297858. DOI: [10.1371/journal.pone.0297858](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0297858).
25. Olbricht H, Twadell K, Sandel B, Stephens C, Whittall JB. Is There a Universal Endurance Microbiota? Microorganisms. 2022 Nov 9;10(11):2213. DOI: [10.3390/microorganisms10112213](https://doi.org/10.3390/microorganisms10112213).

ВІДМІННОСТІ МІКРОБІОМУ СПОРТСМЕНІВ, В ЗАЛЕЖНОСТІ ВІД МЕХАНІЗМУ ЕНЕРГОЗАБЕЗПЕЧЕННЯ М'ЯЗОВОЇ ДІЯЛЬНОСТІ

Палладіна О. Л., Каліга А. М.

Резюме. У рамках постійного розвитку спортивної медицини та біології, мікробіом кишківника атлетів стає ключовим об'єктом досліджень. Результати досліджень мікробіому кишківника атлетів показують, що його склад може впливати на метаболічні процеси, імунomodulюючу та інші важливі функції організму хазяїна, а також на фізичну витривалість і адаптацію. Види спорту з різним механізмом енергозабезпечення м'язової діяльності можуть мати відмінності у мікробіомному складі кишечника, як на таксономічному, так і на функціональному рівні. Хоча зміна обсягу тренування не впливає на альфа-різноманітність і склад мікробіому кишечника, але було показано, що після збільшення тренувального обсягу знижується рівень *Pasterellaceae*, *Lachnoclostridium*, *Haemophilus*, *S. parasagunis*, і *H. parainfluenzae* і значно підвищується рівень *R. callidus*, які не повернулися до попередніх рівнів навіть після зміни обсягу тренувань. Численні дослідження відзначили збільшення у спортсменів фекальних коротколанцюгових жирних кислот мікробного походження, що можуть бути субстратами для глюконеогенезу та ліпогенезу, а також контролювати експресію генів товстої кишки, залучених до імунної відповіді. У зразках фекалій марафонців був збагачений вид *Veillonella atypica*, що здатний метаболізувати лактат в ацетат і пропіонат КЛЖК за допомогою метилмалоніл-КоА. Підвищення співвідношення *Firmicutes/Bacteroides* пов'язане з вищим VO_{2max} . Було показано, що VO_{2max} у людей сильно корелює з виробництвом бутирату разом із бактеріями, що виробляють бутират, такими як *Clostridiales*, *Roseburia*, *Lachnospiraceae* та *Erysipelotrichaceae*. Дослідження також показують зв'язок між різними видами мікробіоти та збільшеним метаболізмом лактату під час фізичних навантажень, що може покращити спортивні результати. Більшість робіт вказують на потенційний позитивний вплив співвідношення різних бактерій у кишківнику спортсменів, хоча точний механізм впливу мікробіоти на атлетів у різні періоди та з різним енергозабезпеченням м'язової діяльності потребує додаткових досліджень.

Ключові слова: мікробіом кишківника, мікробіота атлетів, анаеробний механізм енергозабезпечення, витривалість.

DIFFERENCES IN THE MICROBIOME OF ATHLETES DEPENDING ON THE MECHANISM OF ENERGY SUPPLY OF MUSCLE ACTIVITY

Palladina O. L., Kaliga A. M.

Abstract. In light of the continuous development of sports medicine and biology, the gut microbiome of athletes is becoming a key object of research. The results of athletes' gut microbiome studies show that its composition can influence metabolic processes, immunomodulation and other important functions of the host's organism, as well as physical endurance, performance and adaptation. Different types of sports and the energy supply of muscle activity can cause differences in the gut microbial composition, both at the taxonomic and functional levels. Also, some researches show that the change in training volume did not affect the alpha diversity and composition of the gut microbiome, but it was shown that after increasing the training volume, the level of *Pasterellaceae*, *Lachnoclostridium*, *Haemophilus*, *S. parasagunis*, and *H. parainfluenzae* decreased and the level of *R. callidus* increased significantly, which did not return to previous levels even after changing the volume of training. Numerous studies have noted an increase in fecal short-chain fatty acids of microbial origin in athletes, which can be substrates for gluconeogenesis and lipogenesis, as well as control the expression of genes of the intestine involved in the immune response. *Veillonella atypica*, capable of metabolizing lactate into acetate and propionate of short-chain fatty acids with the help of methylmalonyl-CoA, was enriched in the samples of the marathon runners' feces. The *Firmicutes/Bacteroides* ratio, when increased, is associated with a higher VO_{2max} . VO_{2max} in humans was shown to be highly correlated with butyrate production along with related butyrate-producing bacteria such as *Clostridiales*, *Roseburia*, *Lachnospiraceae* and *Erysipelotrichaceae*. Studies also show a link between different types of microbiota and increased lactate metabolism during exercise, which can improve athletic performance. Most of the studies

indicate the potential positive influence of the ratio of different bacteria in the intestines of athletes, although the exact mechanism of the influence of microbiota on athletes in different periods and with different energy supply of muscle activity requires additional research.

Key words: gut microbiome, microbiota of athletes, anaerobic mechanism of energy supply, endurance.

ORCID and contributionship / ORCID кожного автора та їх внесок до статті:

Palladina O. L.: <https://orcid.org/0000-0001-7133-0072> ^{DEF}

Kaliga A. M.: <https://orcid.org/0009-0001-7987-0142> ^{ABCD}

Conflict of interest / Конфлікт інтересів:

The authors declare no conflict of interest. / Автори повідомляють, що конфлікт інтересів відсутній.

Corresponding author / Адреса для кореспонденції

Kaliga Anastasiia Mykhailivna / Каліга Анастасія Михайлівна

National University of Ukraine on Physical Education and Sport / Національний університет фізичного виховання і спорту України

Ukraine, 03150, Kyiv, 1 Fizkultury str. / Адреса: Україна, 03150, м. Київ, вул. Фізкультури 1

Tel.: +380669420769 / Тел.: +380669420769

E-mail: anastasiya.kaliga@gmail.com

A – Work concept and design, B – Data collection and analysis, C – Responsibility for statistical analysis, D – Writing the article, E – Critical review, F – Final approval of the article / A – концепція роботи та дизайн, B – збір та аналіз даних, C – відповідальність за статистичний аналіз, D – написання статті, E – критичний огляд, F – остаточне затвердження статті

Received 06.01.2024 / Стаття надійшла 06.01.2024 року
Accepted 01.05.2024 / Стаття прийнята до друку 01.05.2024 року

DOI 10.29254/2077-4214-2024-2-173-102-117

UDC 616.314 – 089: 615.281.9

Petrova T. A., Lutsenko R. V., Ostrovska H. Yu., Shakina E. H., Chechotina S. Yu., Sydorenko A. H.

PHARMACOLOGY OF ANTIBACTERIAL DRUGS FOR SURGICAL DENTISTRY

Poltava State Medical University (Poltava, Ukraine)

t.petrova@pdmu.edu.ua

In dental surgical practice, many patients suffer from purulent inflammation of the maxillofacial area. In order to conduct effective conservative treatment, a dentist must have in-depth knowledge of the pharmacology of modern antibacterial agents and scientifically sound rules for their use. The purpose is to study modern antibacterial drugs' pharmacological properties and analyse the indications for their use in surgical practice. An analysis of literature sources was carried out. The results obtained indicate a limited choice when dentists prescribe antibacterial agents. The analysis of pharmacological properties and spectra of antimicrobial activity of known antibacterial drugs shows that beta-lactam drugs of the cephalosporin and carbapenem group are preferable. Cephalosporin and carbapenems are particularly relevant in treating severe polymicrobial infections and complicated purulent inflammation. In case of severe infections caused by multidrug-resistant gram-positive microorganisms, ketolides and streptogramins are recommended. In case of ineffectiveness of other antibacterial drugs, glycopeptides also have backup value. Considering the complexity and dynamism of the group of antibacterial drugs, a practising dental surgeon should rely on scientifically based recommendations for their prescription and follow the algorithm of patient management developed by scientists: to start treatment early; based on clinical and laboratory data, conduct empirical therapy with broad-spectrum antibacterial drugs, considering the most likely pathogens; when determining the pathogen, if necessary, replace the drug used for empirical treatment with another one to which the microorganism is sensitive; consider the feasibility of prescribing combined ABT; use microbiological control and monitoring of pathogens during long-term treatment.

Key words: antibacterial drugs, Pharmacology, Oral Surgery.

Connection of the publication with planned research works.

The study is a fragment of the research work "Pharmacological study of biologically active substances and medicines for the development and optimisation of indications for their use in medical practice", state registration number 0120U10392.

Introduction.

Infectious complications such as abscess and phlegmon, alveolitis (up to 25%), osteomyelitis of maxillofacial area (MFA), etc., are frequent in surgical dentistry, especially in immunocompromised patients. In recent

years, the number of patients with purulent diseases (PD) of the face and neck has increased from 53.5% to 75.9%. There is also an increase in the severity of these processes with complications in the form of mediastinitis, thrombophlebitis of the facial veins, sepsis, etc. In this regard, there was also an increase in mortality rates to 0.13-0.3%. The key reasons for these negative phenomena are the following: late treatment, self-medication or incorrect pharmacotherapy tactics, changes in the species composition of pathogens, etc. [1, 2].

Dentists use various methods of treatment, among which the most important are the elimination of devit-