

# Физиология Physiology

Научная статья

УДК 796 + 579.6

DOI: 10.14529/hsm260101

## СОСТАВ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА ПРИ ДЛИТЕЛЬНЫХ ЗАНЯТИЯХ ТХЭКВОНДО В ДЕТСКОМ ВОЗРАСТЕ

**А.В. Кабачкова**<sup>1,2</sup>, [kabachkova.av@yandex.ru](mailto:kabachkova.av@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0003-1691-0132>

**В.А. Шепилова**<sup>1,2</sup>, [smelischeva@ya.ru](mailto:smelischeva@ya.ru), <https://orcid.org/0009-0007-2066-2131>

**О.П. Иккерт**<sup>1</sup>, [but310@mail.ru](mailto:but310@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0003-0251-5713>

<sup>1</sup> Томский государственный университет, Томск, Россия

<sup>2</sup> Сибирский государственный медицинский университет, Томск, Россия

**Аннотация. Цель:** изучить качественный и количественный состав микробиоты кишечника детей младшего школьного возраста с разным уровнем физической активности. **Материалы и методы.** В исследовании участвовали три группы условно здоровых детей (по 12 волонтеров) с равномерным распределением по полу и возрасту (8–10 лет) без симптомов острых заболеваний. Дети первой группы не занимались дополнительной физической активностью, дети второй – дополнительно посещали секцию боевых искусств (тхэквондо) от трёх до шести месяцев, дети третьей – занималась тхэквондо более двух лет. Образцы кала собирали утром, транспортировали в лабораторию, где выделяли тотальную геномную ДНК. В дальнейшем все образцы ДНК были доставлены в замороженном состоянии для проведения секвенирования в лабораторию «Геномед». **Результаты.** При сравнении относительной распространенности всех филумов можно увидеть определенную тенденцию их соотношения у третьей группы по сравнению с первой и второй группами – относительное увеличение филума Firmicutes до 83 %, на фоне снижения филумов Actinobacteria до 0,2 % и Bacteroidetes до 10 %. Во всех группах доминирующим родом является *Faecalibacterium*, хотя и отмечается его постепенное относительное снижение при наличии дополнительных систематических физических нагрузок. Во второй группе начинающих спортсменов возрастает численное представительство *Eubacterium* и *Gemmiger* до 6 %, при этом снижается относительная численность *Bacteroides* на ≈2,5 %. В третьей группе качественно меняется состав доминирующих родов, помимо *Eubacterium* и *Gemmiger* появляются *Roseburia* и *Akkermansia*. **Заключение.** Дополнительная физическая активность влияет на качественный и количественный состав микробиоты у детей младшего школьного возраста. Длительные регулярные занятия тхэквондо приводят к адапционным перестройкам микробного сообщества. Такие изменения можно рассматривать как положительную адаптацию микробиоты, способствующую улучшению метаболического здоровья и целостности кишечного барьера в условиях регулярных интенсивных физических нагрузок.

**Ключевые слова:** физическая культура, тхэквондо, младший школьный возраст, секвенирование, бактериальный состав

**Благодарности.** Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 24-25-00304).

**Для цитирования:** Кабачкова А.В., Шепилова В.А., Иккерт О.П. Состав микробиоты кишечника при длительных занятиях тхэквондо в детском возрасте // Человек. Спорт. Медицина. 2026. Т. 26, № 1. С. 7–15. DOI: 10.14529/hsm260101

## GUT MICROBIOTA COMPOSITION DURING LONG-TERM TAEKWONDO TRAINING IN CHILDREN

A.V. Kabachkova<sup>1,2</sup>, kabachkova.av@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1691-0132>  
V.A. Shepilova<sup>1,2</sup>, smelishева@ya.ru, <https://orcid.org/0009-0007-2066-2131>  
O.P. Ikkert<sup>1</sup>, but310@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0251-5713>

<sup>1</sup> Tomsk State University, Tomsk, Russia

<sup>2</sup> Siberian State Medical University, Tomsk, Russia

**Abstract. Aim.** This paper aims to investigate the qualitative and quantitative composition of the gut microbiota in primary school-aged children with varying levels of physical activity. **Materials and methods.** Three groups of apparently healthy children (n = 12 per group; balanced by sex and age, 8–10 years) without symptoms of acute illness were studied. Group 1 consisted of children with no additional physical activity; Group 2 comprised children who attended taekwondo classes for three to six months; Group 3 included children with taekwondo practice for more than two years. Fecal samples were collected in the morning and transported to the laboratory for total genomic DNA isolation. All DNA samples were subsequently shipped frozen to the Genomed laboratory for sequencing. **Results.** Across all phyla, a distinctive trend was observed in Group 3 relative to Groups 1 and 2 (Group 1 and Group 2: approximately 80 % Firmicutes, 0.6 % Actinobacteria, and 14 % Bacteroidetes). In Group 3, Firmicutes increased to 83 %, while Actinobacteria decreased to 0.2 % and Bacteroidetes to 10 %. *Faecalibacterium* remained the dominant genus in all groups, though its relative abundance gradually declined with systematic physical activity. In Group 2, the relative abundance of *Eubacterium* and *Gemmiger* rose to 6 %, with a concomitant ~2.5 % reduction in *Bacteroides*. In Group 3, the dominant genera shifted qualitatively; in addition to *Eubacterium* and *Gemmiger*, *Roseburia* and *Akkermansia* emerged. **Conclusion:** Enhanced physical activity modulates the qualitative and quantitative structure of the gut microbiota in primary school-aged children. Prolonged, regular taekwondo training induces adaptive microbial changes characterized by a decreased proportion of *Faecalibacterium* and *Bacteroides* and an increased proportion of *Eubacterium*, *Gemmiger*, *Roseburia*, and *Akkermansia*. These alterations may reflect a positive microbiota adaptation associated with improved metabolic health and maintenance of intestinal barrier integrity under regular, intensive physical activity.

**Keywords:** physical education, taekwondo, primary school children, sequencing, bacterial composition

**Acknowledgments.** This study was supported by the Russian Science Foundation (project No 24-25-00304).

**For citation:** Kabachkova A.V., Shepilova V.A., Ikkert O.P. Gut microbiota composition during long-term taekwondo training in children. *Human. Sport. Medicine*. 2026;26(1):7–15. (In Russ.) DOI: 10.14529/hsm260101

**Введение.** Микробиота кишечника состоит из множества разнообразных микроорганизмов (бактерии, грибы и археи). Каждый из нас обладает своей уникальной микробиотой, такой же неповторимой, как, например, отпечатки пальцев. В настоящее время уже не подвергается сомнению её роль в поддержании здоровья человека [5, 7]. Эффекты взаимодействия микробиоты и желудочно-кишечного тракта наблюдаются не только локально, но и в отдаленных органах благодаря системному распределению веществ и клеток. Это явление получило название «ось кишечник – орган» [4]. Миллионы лет происходила совместная эволюция, которая привела к взаим-

ному симбиозу между микробиотой и организмом-хозяином, благодаря чему сформировались сложные оси отношений [8]. Огромное количество работ в этой области посвящено изучению микробиоты при различных патологических изменениях в организме, в то время как особенности здоровой микробиоты остаются малоизученными. Все больше исследователей начинает интересоваться поиском возможных терапевтических методов воздействия на микробиоту с целью модулирования её состояния [9, 11]. И если фармакологические и диетические вмешательства уже давно являются центральным звеном многих работ, то научный интерес к изучению влияния фи-

зических нагрузок только набирает силу [13, 15, 20]. Имеющиеся данные пока дают лишь первоначальное представление о том, каким образом физическая активность может влиять на микробное разнообразие кишечника [18]. Появляющиеся немногочисленные работы в этой области пока не раскрывают точные механизмы, лежащие в основе влияния физических упражнений на микробиоту и не дают четких представлений о составе здоровой микробиоты кишечника [3, 19]. Регистрация большего микробного разнообразия у физически активных людей, по сравнению с людьми, ведущими малоподвижный образ жизни является пока единственным общим показателем изменений микробиоты под влиянием физических нагрузок в данных исследованиях [6]. На уровне определенных родов или семейств бактерий наблюдается весьма неоднородная картина, что свидетельствует о недостаточности накопленных данных. Стоит отметить, что практически нет данных о влиянии физических нагрузок на кишечный микробиом детей [1]. Хотя именно в детский период наблюдается активная колонизация микроорганизмами и окончательное формирование микробиоты [17]. Например, потребление в детском возрасте избыточного количества жирной и высокоуглеводной пищи в совокупности с гиподинамией может привести к её необратимым нарушениям [2]. Поэтому модуляция микробиоты с помощью физической активности предстает крайне интересной и перспективной темой для дальнейших исследований.

**Цель исследования:** изучить качественный и количественный состав микробиоты кишечника детей младшего школьного возраста с разным уровнем физической активности.

**Материалы и методы.** *Дизайн исследования и участники.* В исследовании приняли участие три группы условно здоровых детей, каждая из которых состояла из 12 волонтеров с равномерным распределением по полу и возрасту без симптомов острых вирусных и/или бактериальных заболеваний. Возраст детей варьировался от 8 до 10 лет. Первая группа состояла из детей, которые не занимались дополнительными физическими нагрузками, кроме обязательных занятий по физической культуре в школе (контрольная группа или К). Вторая группа включала детей, которые начали дополнительно посещать секцию боевых искусств (тхэквондо) от трёх до шести месяцев (группа начинающих спортсменов или

НС). Третья группа включала детей, которые дополнительно регулярно посещали секцию боевых искусств (тхэквондо) более двух лет (группа спортсменов или С). Уроки физкультуры в школе проводились два раза в неделю, а занятия боевыми искусствами – 2–3 раза в неделю. Группы были однородны по полу, возрасту и антропометрическим параметрам и не имели симптомов острых вирусных или бактериальных инфекций на момент сбора образцов кала. Никто из участников не принимал антибиотики, пробиотики или пребиотики в течение двух месяцев до начала исследования. Для всех детей был характерен схожий рацион питания: завтрак, обед, полдник и ужин, а также имели примерно одинаковое время приема пищи. Кроме того, все получали полноценный ночной сон продолжительностью 8–9 часов в школьные дни и до 10 часов в выходные дни.

Исследование было одобрено комитетом по биоэтике Биологического института и экспертной комиссией по рассмотрению материалов, предназначенных для открытой публикации национального исследовательского Томского государственного университета. Информированные согласия были получены заранее от всех родителей или законных представителей.

*Сбор образцов и извлечение ДНК.* Сбор образцов кала был проведен в г. Томске (Россия) в весенний период (апрель – май 2024 г.). Пробы собирали в утреннее время в стерильные пластиковые контейнеры объемом 50 мл и временно хранили при температуре 2–4 °С не более четырех часов до момента транспортировки в лабораторию. В лабораторных условиях образцы немедленно были аликвотированы в заранее промаркированные криопробирки и заморожены при –80 °С для последующей экстракции ДНК.

Выделение тотальной геномной ДНК выполняли с использованием набора MagPure Stool DNA LQ Kit (Magen, Китай) в строгом соответствии с протоколом производителя. Концентрацию и чистоту полученных препаратов ДНК оценивали на спектрофотометре NanoPhotometer® NP80 Tech Specs (Implen GmbH, Германия). Все образцы ДНК были доставлены в замороженном состоянии для проведения секвенирования в лабораторию «Геномед» (Медико-генетический центр, лаборатория молекулярной патологии, Москва, Россия).

*Секвенирование ампликонов и биоинформатический анализ.* Секвенирование библиотеки ампликонов проводили на платформе PromethION/MinION (Oxford Nanopore Technology). Образцы подвергались ферментативной очистке и контролю качества перед секвенированием. Гипервариабельный участок гена 16s рРНК V1–V9 амплифицировали методом полимеразной цепной реакции и секвенировали.

Оценка качества каждого образца проводилась с помощью FastQC v0.12.0, а агрегированные результаты визуализировались с помощью MultiQC v1.29. Последовательности адаптеров удалялись с помощью Porechop v0.2.4, инструмента, разработанного для работы с данными Oxford Nanopore. Чтения длиной от 1300 до 1900 пар оснований сохранялись для дальнейшего анализа с помощью SeqKit v2.10.0, а дополнительная фильтрация проводилась с помощью Fastp v1.0.1. Выравнивание прочтений проводилось с помощью Minimap2 по базе данных, включающей записи из NCBI 16S RefSeq и gtnDB. Таксономическая классификация проводилась с помощью Eml 10. Чтобы снизить влияние редких таксонов и потенциальных артефактов, виды с относительной численностью ниже 0,1 % были исключены из результатов.

Все данные секвенирования были представлены в архиве прочтений последовательностей NCBI (SRA) под регистрационным номером BioProject PRJNA1195688.

**Результаты. Представленность филумов в наблюдаемых группах.** Термином «филум» в классификации прокариот обозначается тип микроорганизмов. Нормальная микробиота представлена широким спектром микроорганизмов, которые в основном являются представителями пяти филумов. Это два доминирующих – Firmicutes и Bacteroidetes, которые составляют более 90 % всего сообщества, а также другие субдоминантные филумы – Proteobacteria, Actinobacteria и Verrucomicrobia [16]. Соотношение доминирующих филумов Firmicutes / Bacteroidetes принято рассматривать как потенциальный маркер состояния кишечника. Но в настоящее время накоплены противоречивые данные об этом соотношении, что не позволяет признать этот параметр как надежный критерий дисбиоза особенно при ожирении [12]. Несмотря на это, высказано предположение, что Firmicutes более эффективно извлекают энергию из пищи,

чем Bacteroidetes, способствуя тем самым более качественному усвоению калорий [10]. В нашем исследовании наблюдается увеличение этого соотношения в 1,5 раза: в группе спортсменов – 8,3, против 5,7–5,8 в остальных группах (контрольная группа и группа начинающих спортсменов). Эти результаты согласуются с данными метаанализа (25 исследований с общим числом участников 1044 человека), который демонстрирует уменьшение количества Bacteroidetes и увеличение Firmicutes при физических нагрузках у взрослых [14].

При сравнении относительной распространенности всех филумов можно увидеть определенную тенденцию их соотношения у детей, длительно занимающихся дополнительной физической активностью (группа спортсменов) по сравнению с контрольной группой и группой начинающих спортсменов (обе – 80 % Firmicutes, 0,6 % Actinobacteria и 14 % Bacteroidetes) – относительное увеличение филума Firmicutes до 83 % на фоне снижения филумов Actinobacteria до 0,2 % и Bacteroidetes до 10 %. Что касается количественного состава, то в группе спортсменов у большинства отмечается смещение в сторону 4–5 филумов (Actinobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria и Verrucomicrobia – 83 % (10/12), в то время как у остальных встречаются от 3 до 7.

При сравнении представительств филумов наблюдаются определенные тенденции в наличии и отсутствии некоторых из них в наблюдаемых группах (табл. 1), что может отражать влияние физической активности на изменение состава микробиоты кишечника в зависимости от длительности занятий. В группе детей, которые только начали заниматься дополнительно в секции боевых искусств (группа начинающих спортсменов), наблюдаются изменения в разнообразии филумов, в том числе увеличение Proteobacteria более чем в два раза, что может быть связано с адаптацией к новым условиям – регулярные дополнительные физические нагрузки, которые являются еще крайне стрессорными для организма.

В группе спортсменов наблюдается увеличение Firmicutes на 4 % и почти трехкратное увеличение относительного числа Verrucomicrobia, что может указывать на активизацию метаболических процессов. Также в работе Fei Zhong et al. (2021) показано, что физические упражнения могут увеличивать

Таблица 1  
Table 1Представленность филумов (в %) в наблюдаемых группах  
Representation of phyla (in %) in the observed groups

| Группа наблюдения / Observation group   |       |  |    |       |  |         |
|---|-------|--|----|-------|--|---------|
| К / C   |       | НС / NA  |    |       | С / A  |         |
| Firmicutes  | 79,78 | Firmicutes   |    | 79,27 | Firmicutes   | ↑ 83,00 |
| Actinobacteria  | 0,61  | Actinobacteria   |    | 0,58  | Actinobacteria   | 0,24    |
| Bacteroidetes   | 14,07 | Bacteroidetes  |    | 13,62 | Bacteroidetes  | 9,90    |
| Fusobacteria  | 0,04  |  |    |       |  |         |
| Proteobacteria  | 1,12  | Proteobacteria   | ↑↑ | 2,51  | Proteobacteria   | ↓ 0,82  |
| Verrucomicrobia   | 0,86  | Verrucomicrobia  | ↓↓ | 0,45  | Verrucomicrobia  | ↑↑ 2,57 |
| Synergistetes   | 0,01  |  |    |       | Synergistetes  | 0,02    |
|   |       | Tenericutes  |    | 0,02  |  |         |
|   |       | Lentisphaerae  |    | 0,06  |  |         |
|   |       | Elusimicrobia  |    | 0,26  |  |         |
| Остальные / Others  | 3,50  | Остальные / Others   |    | 3,25  | Остальные / Others                                     | 3,45    |
| Условная норма / Reference profiles   |       |  |    |       |  |         |
| Тип микробиоты со склонностью к дисбиозу<br>Type of microbiota prone to dysbiosis |       | Переходный тип микробиоты<br>Transitional type of microbiota |    |       | Устойчивый тип микробиоты<br>Stable type of microbiota |         |

*Примечание.* К – контрольная группа, НС – группа начинающих спортсменов, С – группа спортсменов; голубым цветом обозначено сходство филумов; ↑ – относительное увеличение числа представителей филума по сравнению с контрольной группой, в том числе ↑↑ – увеличение более чем в два раза; ↓ – относительное снижение числа представителей филума по сравнению с контрольной группой, в том числе ↓↓ – снижение практически в два раза; зеленым цветом обозначены благоприятные адаптивные эффекты физических нагрузок на состав микробиоты, усиливающие её противовоспалительные свойства.

*Note.* C – control group, NA – novice athlete group, A – athlete group; blue color indicates phylum similarity; ↑ – relative increase in the number of phylum representatives compared to the control group, including ↑↑ – more than a twofold increase; ↓ – relative decrease in the number of phylum representatives compared to the control group, including ↓↓ – almost a twofold decrease; green color indicates the beneficial adaptive effects of physical exercise on the composition of the microbiota, enhancing its anti-inflammatory properties.

численность бактерий, связанных с противовоспалительным действием, таких как Verrucomicrobia, и уменьшать численность бактерий, связанных с провоспалительным действием, таких как Proteobacteria [21]. Аналогичные эффекты наблюдаются в нашем исследовании в группе спортсменов (см. табл. 1), микробиота которых по совокупности представленных микроорганизмов характеризуется выраженными противовоспалительными свойствами. В то же время в группе начинающих спортсменов уже присутствуют адаптивные перестройки микробиоты, хотя и отмечаются её относительно повышенные провоспалительные свойства. В целом во всех наблюдаемых группах состав микробиоты отражает некоторую условную норму, но каждая из групп характеризуется особенностями по представленности филумов. Это позволило нам предположить наличие разных типов микробиоты,

которые формируются под влиянием такого модулирующего внешнего фактора, как наличие регулярной физической активности. В контрольной группе мы наблюдаем (1) относительно нормальную микробиоту, но склонную к дисбиозу (например, при несбалансированной диете). В группе начинающих спортсменов – (2) переходный тип микробиоты, отражающий начавшиеся адаптивные перестройки в ответ на появление дополнительных регулярных физических нагрузок. А в группе спортсменов – (3) устойчивый тип микробиоты, отражающий адаптацию к регулярным и длительным физическим нагрузкам.

*Родовая принадлежность микроорганизмов в наблюдаемых группах.* Следующим этапом была оценка родовой принадлежности микроорганизмов. У детей контрольной группы два рода (всего – 91) доминируют – *Faecalibacterium* (27,86 %) и *Bacteroides* (9,49 %), что

Относительная выборочная представленность родов микроорганизмов (в %) в наблюдаемых группах  
Relative selective representation of microorganism genera (in %) in the observed groups

| %     | Группа наблюдения / Observation group |       |                          |       |                         |       |
|-------|---------------------------------------|-------|--------------------------|-------|-------------------------|-------|
|       | К / C                                 |       | НС / NA                  |       | С / A                   |       |
| ≥ 5 % | <i>Faecalibacterium</i>               | 27,86 | <i>Faecalibacterium</i>  | 24,62 | <i>Faecalibacterium</i> | 23,42 |
|       | <i>Bacteroides</i>                    | 9,49  | <i>Bacteroides</i>       | 6,88  | <i>Roseburia</i>        | 8,68  |
|       |                                       |       | <i>Eubacterium</i>       | 6,18  | <i>Gemmiger</i>         | 7,74  |
|       |                                       |       | <i>Gemmiger</i>          | 6,01  | <i>Akkermansia</i>      | 6,34  |
|       |                                       |       |                          |       | <i>Eubacterium</i>      | 5,52  |
| %     | 2 % (2/91)                            |       | 5 % (4/89)               |       | 6 % (5/91)              |       |
| ≥ 4 % | <i>Eubacterium</i>                    | 4,84  | <i>Massiliprevotella</i> | 4,30  |                         |       |
| %     | 1 % (1/91)                            |       | 1 % (1/89)               |       | 0 % (0/91)              |       |
| ≥ 3 % | <i>Roseburia</i>                      | 3,43  | <i>Roseburia</i>         | 3,59  | <i>Lachnospira</i>      | 3,75  |
|       | <i>Prevotella</i>                     | 3,34  | <i>Dialister</i>         | 3,07  | <i>Phocaeicola</i>      | 3,01  |
|       | <i>Gemmiger</i>                       | 3,08  | <i>Lachnospira</i>       | 3,01  |                         |       |
| %     | 3 % (3/91)                            |       | 3 % (3/89)               |       | 2 % (2/91)              |       |
| ≥ 2 % | <i>Phocaeicola</i>                    | 2,63  | <i>Others</i>            | 2,48  | <i>Others</i>           | 2,83  |
|       | <i>Faecalicatena</i>                  | 2,59  | <i>Prevotella</i>        | 2,36  | <i>Bacteroides</i>      | 2,40  |
|       | <i>Others</i>                         | 2,44  | <i>Neglecta</i>          | 2,11  | <i>Prevotella</i>       | 2,11  |
|       | <i>Oscillibacter</i>                  | 2,23  |                          |       | <i>Oscillibacter</i>    | 2,10  |
|       |                                       |       |                          |       | <i>Neglecta</i>         | 2,02  |
| %     | 4 % (4/91)                            |       | 3 % (3/89)               |       | 6 % (5/91)              |       |
| ≥ 1 % | 12 % (11/91)                          |       | 11 % (10/89)             |       | 6 % (5/91)              |       |
| <1 %  | 78 % (70/91)                          |       | 77 % (68/89)             |       | 81 % (74/91)            |       |

Примечание. К – контрольная группа, НС – группа начинающих спортсменов, С – группа спортсменов; цветом обозначены некоторые рода для визуализации увеличения или уменьшения их относительного представительства в наблюдаемых группах.

Note. C – control group, NA – novice athlete group, A – athlete group; some genera are marked in color to visualize the increase or decrease of their relative representation in the observed groups.

в целом отражает наличие здоровой и стабильной микробиоты с базовыми противовоспалительными свойствами. Остальные рода представлены в объеме менее 5 %, причем 78 % (70/91) имеют относительную распространенность менее 1 % (табл. 2). Разнообразие других видов также подчеркивает их потенциальные преимущества для поддержания здоровья кишечника.

В группе начинающих спортсменов наблюдается снижение некоторых таксонов, однако такое снижение происходит на фоне увеличения других, что может свидетельствовать о метаболических изменениях, связанных с дополнительной физической активностью. Также стоит отметить большое разнообразие родов в этой группе детей – 89. В целом у детей этой группы доминируют четыре рода – *Faecalibacterium* (24,62 %) и практически в равной степени *Bacteroides* (6,88 %), *Eubac-*

*terium* (6,18 %) и *Gemmiger* (6,01 %). Остальные рода представлены в объеме менее 5 %, причем 77 % (68/89) имеют относительную распространенность менее 1 % (см. табл. 2).

В группе спортсменов общее количество родов значимо не отличается от других групп наблюдения – 91, но отличается качественный состав. В частности, у детей этой группы доминирует уже пять родов – *Faecalibacterium* (23,42 %), *Roseburia* (8,68 %), *Gemmiger* (7,74 %), *Akkermansia* (6,34 %) и *Eubacterium* (5,52 %). При этом численность *Bacteroides* снизилась до 2,40 % (практически в 4 и 3 раза в сравнении с контрольной группой и группой начинающих спортсменов соответственно). Вероятно, преобладающие роды микроорганизмов могут указывать на более активные метаболические процессы и адаптацию к длительным и регулярным физическим нагрузкам. Остальные рода представлены в объеме

менее 5 %, причем 81 % (74/91) имеют относительную распространенность менее 1 % (см. табл. 2).

Во всех группах доминирующим родом остается *Faecalibacterium* (см. табл. 2), хотя и отмечается его постепенное относительное снижение при наличии дополнительных систематических физических нагрузок. В группе начинающих спортсменов возрастает численное представительство *Eubacterium* и *Gemmiger* до 6 %, при этом снижается относительная численность *Bacteroides* на  $\approx 2,5$  %. В группе спортсменов качественно меняется состав доминирующих родов, помимо *Eubacterium* и *Gemmiger* появляются *Roseburia* и *Akkermansia*. Таким образом, наблюдается явная связь между уровнем физической активности и составом микробиоты. Здоровые дети, не занимающиеся дополнительной физической активностью, имеют нормальную кишечную микробиоту. Однако с началом дополнительных занятий происходит изменение в её составе, что может отражать адаптацию к новым условиям. У детей, которые занимаются длительно, наблюдается более разнообразный состав микробиоты, а также отмечается увеличения числа микроорганизмов участвующих в метаболических процессах.

**Заключение.** Результаты различных исследований демонстрируют двустороннюю связь между физическими упражнениями и составом микробиоты кишечника. Регулярная

физическая активность отражается на микробном составе кишечника, увеличивая его биоразнообразие, повышая уровни популяций бактерий, участвующих в энергетическом обмене и в утилизации водорода, тем самым косвенно повышая уровень адаптации организмов к физическим нагрузкам. При этом состав и метаболическая активность кишечной микробиоты могут способствовать не только улучшению переваривания пищи, но и аккумуляции энергии у людей с высоким уровнем физической активности. Это происходит путем прямого влияния метаболитов, которые выделяют микроорганизмы, на липогенез, глюконеогенез и экспрессию генов, связанных с термогенезом. Данное исследование продемонстрировало значительное влияние физической активности на качественный и количественный состав микробиоты у детей младшего школьного возраста. В частности, длительные регулярные занятия тхэквондо приводят к адаптационным перестройкам микробного сообщества, которое выражается в снижении доли *Faecalibacterium* и *Bacteroides*, а также в увеличении доли *Eubacterium*, *Gemmiger*, *Roseburia* и *Akkermansia*. Такие изменения можно рассматривать как положительную адаптацию микробиоты, способствующую улучшению метаболического здоровья и целостности кишечного барьера в условиях регулярных интенсивных физических нагрузок.

#### Список литературы / References

1. Barton W., Penney N.C., 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. *Gut*, 2018, vol. 67 (4), pp. 625–633. DOI: 10.1136/gutjnl-2016-313627
2. Christ A., Lauterbach M., Latz E. Western Diet and the Immune System: An Inflammatory Connection. *Immunity*, 2019, vol. 51 (5), pp. 794–811. DOI: 10.1016/j.immuni.2019.09.020
3. Clauss M., Gérard P., Mosca A., Leclerc M. Interplay Between Exercise and Gut Microbiome in the Context of Human Health and Performance. *Frontiers in Nutrition*, 2021, vol. 8, 637010. DOI: 10.3389/fnut.2021.637010
4. Cryan J.F., O'Riordan K.J., Cowan C.S.M. et al. The Microbiota-Gut-Brain Axis. *Physiology Rev.*, 2019, vol. 99 (4), pp. 1877–2013. DOI: 10.1152/physrev.00018.2018
5. de Vos W.M., Tilg H., Van Hul M., Cani P.D. Gut Microbiome and Health: Mechanistic Insights. *Gut*, 2022, vol. 71 (5), pp. 1020–1032. DOI: 10.1136/gutjnl-2021-326789
6. Estaki M., Pither J., Baumeister P. et al. Cardiorespiratory Fitness as a Predictor of Intestinal Microbial Diversity and Distinct Metagenomic Functions. *Microbiome*, 2016, vol. 4 (1), p. 42. DOI: 10.1186/s40168-016-0189-7
7. Fan Y., Pedersen O. Gut Microbiota in Human Metabolic Health and Disease. *Nature Reviews. Microbiology*, 2021, vol. 19 (1), pp. 55–71. DOI: 10.1038/s41579-020-0433-9
8. Foster K.R., Schluter J., Coyte K.Z., Rakoff-Nahoum S. The Evolution of the Host Microbiome as an Ecosystem on a Leash. *Nature*, 2017, vol. 548 (7665), pp. 43–51. DOI: 10.1038/nature23292

9. Hughes R.L., Holscher H.D. Fueling Gut Microbes: A Review of the Interaction between Diet, Exercise, and the Gut Microbiota in Athletes. *Adv Nutr.*, 2021, vol. 12 (6), pp. 2190–2215. DOI: 10.1093/advances/nmab077
10. Krajmalnik-Brown R., Ilhan Z.E., Kang D.W., DiBaise J.K. Effects of Gut Microbes on Nutrient Absorption and Energy Regulation. *Nutr Clin Pract.*, 2012, vol. 27 (2), pp. 201–214. DOI: 10.1177/0884533611436116
11. Kumar R., Sood U., Gupta V. et al. Recent Advancements in the Development of Modern Probiotics for Restoring Human Gut Microbiome Dysbiosis. *Indian Journal Microbiol.*, 2020, vol. 60 (1), pp. 12–25. DOI: 10.1007/s12088-019-00808-y
12. Magne F., Gotteland M., Gauthier L. et al. The Firmicutes/Bacteroidetes Ratio: A Relevant Marker of Gut Dysbiosis in Obese Patients? *Nutrients*, 2020, vol. 12 (5), p. 1474. DOI: 10.3390/nu12051474
13. Mailing L.J., Allen J.M., Buford T.W. et al. Exercise and the Gut Microbiome: A Review of the Evidence, Potential Mechanisms, and Implications for Human Health. *Exerc Sport Science Rev.*, 2019, vol. 47 (2), pp. 75–85. DOI: 10.1249/JES.0000000000000183
14. Min L., Ablitip A., Wang R. et al. Effects of Exercise on Gut Microbiota of Adults: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Nutrients*, 2024, vol. 16 (7), p. 1070. DOI: 10.3390/nu16071070
15. Murtaza N., Burke L.M., Vlahovich N. et al. The Effects of Dietary Pattern during Intensified Training on Stool Microbiota of Elite Race Walkers. *Nutrients*, 2019, vol. 11 (2), p. 261. DOI: 10.3390/nu11020261
16. Qin J., Li R., Raes J. et al. A Human Gut Microbial Gene Catalogue Established by Metagenomic Sequencing. *Nature*, 2010, vol. 464 (7285), pp. 59–65. DOI: 10.1038/nature08821
17. Rackaityte E., Lynch S.V. The Human Microbiome in the 21st Century. *Nature Communications*, 2020, vol. 11 (1), p. 5256. DOI: 10.1038/s41467-020-18983-8
18. Tzemah Shahar R., Koren O., Matarasso S. et al. Attributes of Physical Activity and Gut Microbiome in Adults: A Systematic Review. *International Journal Sports Medicine*, 2020, vol. 41 (12), pp. 801–814. DOI: 10.1055/a-1157-9257
19. Van Hul M., Cani P.D., Petitfils C. et al. What Defines a Healthy Gut Microbiome? *Gut*, 2024, vol. 73 (11), pp. 1893–1908. DOI: 10.1136/gutjnl-2024-333378
20. Wegierska A.E., Charitos I.A., Topi S. et al. The Connection Between Physical Exercise and Gut Microbiota: Implications for Competitive Sports Athletes. *Sports Medicine*, 2022, vol. 52 (10), pp. 2355–2369. DOI: 10.1007/s40279-022-01696-x
21. Zhong F., Wen X., Yang M. et al. Effect of an 8-week Exercise Training on Gut Microbiota in Physically Inactive Older Women. *International Journal Sports Medicine*, 2021, vol. 42 (7), pp. 610–623. DOI: 10.1055/a-1301-7011

#### **Информация об авторах**

**Кабачкова Анастасия Владимировна**, доктор биологических наук, доцент, профессор кафедры спортивно-оздоровительного туризма, спортивной физиологии и медицины; ведущий научный сотрудник лаборатории менеджмента здоровья и физической активности, Томский государственный университет, Томск, Россия; профессор кафедры фундаментальной психологии и поведенческой медицины, Сибирский государственный медицинский университет, Томск, Россия.

**Шепилова Валерия Анатольевна**, аспирант, младший научный сотрудник лаборатории менеджмента здоровья и физической активности, преподаватель кафедры ветеринарии и зоотехники Высшей инженерной школы агробиотехнологий, Томский государственный университет, Томск, Россия; ассистент кафедры фундаментальной психологии и поведенческой медицины, Сибирский государственный медицинский университет, Томск, Россия.

**Иккерт Ольга Павловна**, кандидат биологических наук, доцент, старший научный сотрудник лаборатории менеджмента здоровья и физической активности, доцент кафедры биотехнологии и биоинформатики Высшей инженерной школы агробиотехнологий, Томский государственный университет, Томск, Россия.

***Information about the authors***

**Anastasia V. Kabachkova**, Doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Professor of the Department of Sports and Health Tourism, Sports Physiology and Medicine; Leading Researcher of the Laboratory of Health and Physical Activity Management, Tomsk State University, Tomsk, Russia; Professor of the Department of Fundamental Psychology and Behavioral Medicine, Siberian State Medical University, Tomsk, Russia.

**Valeria A. Shepilova**, Postgraduate student, Junior Researcher, Laboratory of Health and Physical Activity Management, Lecturer, Department of Veterinary Science and Animal Science, Higher Engineering School of Agrobiotechnology, Tomsk State University, Tomsk, Russia; Assistant, Department of Fundamental Psychology and Behavioral Medicine, Siberian State Medical University, Tomsk, Russia.

**Olga P. Ikkert**, Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Senior Researcher, Laboratory of Health and Physical Activity Management, Associate Professor, Department of Biotechnology and Bioinformatics, Higher Engineering School of Agrobiotechnology, Tomsk State University, Tomsk, Russia.

***Вклад авторов:***

Все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

***Contribution of the authors:***

The authors contributed equally to this article.

The authors declare no conflict of interests.

***Статья поступила в редакцию 25.09.2025***

***The article was submitted 25.09.2025***