



Юсупов Машраб Исматиллович

Самарқанд Давлат тиббиёт университети, Ўзбекистон Республикаси, Самарқанд ш.

ВЛИЯНИЕ ФИЗИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ НА КИШЕЧНУЮ МИКРОБИОТУ

Юсупов Машраб Исматиллович

Самаркандский государственный медицинский университет, Республика Узбекистан, г. Самарканд

THE EFFECT OF PHYSICAL ACTIVITY ON THE GUT MICROBIOME

Yusupov Mashrab Ismatillovich

Samarkand State Medical University, Republic of Uzbekistan, Samarkand

e-mail: mr.mash@mail.ru

Резюме. Ушбу мақолада жисмоний юктамаларнинг ичак микрофлораси таркиби ва хилма-хиллигига таъсири кўриб чиқилган. Тадқиқотлар шуни кўрсатадики, мунтазам жисмоний машқлар ичакда фойдали бактериялар, хусусан, қисқа занжирли ёғ кислоталарини ишлаб чиқарувчи турларнинг кўпайишига ёрдам беради. Бу жараён метаболизмни яхшилаш, яллигланиш жараёнларини камайтириш ва иммунитетни мустаҳкамлашга хизмат қилади. Спортчилардаги микробиотанинг ўзига хос хусусиятлари уларнинг чидамлилиги ва юктамалардан кейин тикланиш қобилияти билан бевосита боғлиқ. Бу эса спорт натижаларини оширишда янги истиқболларни очади.

Калит сўзлар: Жисмоний фаоллик, ичак микробиоти, метаболизм, қисқа занжирли ёғ кислоталари, спорт нутрициологияси, бактериал хилма-хиллик, пробиотиклар, соғлом турмуш тарзи.

Abstract. This article examines the impact of physical exertion on the composition and diversity of the gut microflora. Research demonstrates that regular exercise promotes the growth of beneficial bacteria, particularly species that produce short-chain fatty acids. This process serves to improve metabolism, reduce inflammatory processes, and strengthen the immune system. The specific characteristics of the microbiota in athletes are directly linked to their endurance and post-exercise recovery capacity. This, in turn, opens up new perspectives for enhancing athletic performance.

Keywords: Physical activity, gut microbiome, metabolism, short-chain fatty acids, sports nutrition, bacterial diversity, probiotics, healthy lifestyle.

Муаммонинг долзарблиги: Ичак микробиотаси мураккаб таркибли экотизим бўлиб, турли хил микроорганизмлар, жумладан, бактерия, архей, замбуруғ, содда ҳайвон ва вируслардан ташкил топган ҳамда хўжайин организмнинг иммун тизими ҳамда метаболизмга таъсир кўрсатади. Унда *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Proteobacteria* каби бактериал типлар устунлик қилиб. *Verrucomicrobia*, *Fusobacteria*, *Euryarchaeota* каби микроорганизмлар улуши доимий равишда мавжуд ҳисобланади [1].

Ичак микробиотасининг таркибий тузилишга оқатланиш рационини [2-4], жисмоний фаоллик [5], турли дори воситаларини қабул қилиш [6] организмнинг ёши [7], мавжуд

касалликлар [8] каби омиллар таъсир кўрсатиб, ичакдаги бактериялар сони ва хилма-хиллигини ўзгартиради. Ичак микробиотасини тадқиқ қилишда кўп омилларни бир вақтнинг ўзида баҳолаш имкони бўлмагани сабабли “соғлом микробиом” [8, 9, 10] тушунчаси ҳалигача тўлиқ шаклланмаган. Фойдали микроорганизмлар микдорининг камайиши ва шартли патоген микроорганизмларнинг компенсатор равишда кўпайиши билан кечадиган микроорганизмлар хилма-хиллигининг ўзгариши организм метаболизмга таъсир қилади [11, 12].

Камҳаракат турмуш тарзида ҳаёт кечирувчи одамларда жисмоний машғулотлар эндотоксемия даражасини пасайтиради [13]. Инсулинга нисбатан резистентликка эга, камҳаракат турмуш

тарзини кечирувчи шахсларда турли машғулот жараёнларини (спринт югуришлари ва ўртача интенсивликдаги давомли машғулотлар) метаболизм ва ичак микробиотасига таъсирини ўрганиш жараёнида шу нарса аниқландики, машғулотлар *Bacteroidetes* типидagi бактерияларнинг кўпайиши ($p=0,03$) ва *Firmicutes/Bacteroidetes* нисбатининг камайиши ($p=0,04$) ҳисобига микробиота профилини ўзгартирган, тизимли ва ичак яллиғланиш маркерлари ҳисобланган ўсма некрози омили α , липополисахарид даражаси пасайганлиги кузатилган ва ($p<0,05$) ва ичакда глюкозанинг инсулин билан фаол сўрилиши *Bacteroidetes* типи даражаси билан тўғри пропорционал ва йўғон ичакдаги *Firmicutes* типи даражаси билан тескари пропорционал равишда эканлиги аниқланган.

Тадқиқот мақсади: Жисмоний фаолликни соғлом одамлар микробиоми таркибига таъсирини ўрганиш.

Тадқиқот материаллари ва усуллари: Тадқиқот тизимли тарзда шарҳлаш ва мета-анализ кўринишида амалга оширилди.

Қидирув MEDLINE, Web of Science, Google Scholar ва eLIBRARY маълумотлар базалари бўйича мантикий операторларидан фойдаланилган ҳолда рус ва инглиз тилларидаги қидирув сўровлари ёрдамида ўтказилди.

Қидирув шартлари сифатида а) турли жисмоний фаолликка эга субъектларнинг ичак микробиоми солиштиришга қаратилган кўндаланг тадқиқотлар, соғлом катта ёшли аёллар ва эркеклар (18-45 ёш) иштирокидаги тадқиқотлар; в) инглиз ва рус тилларида ёзилган тадқиқотлар олинди. Про- ёки пребиотиклар истеъмолини ўз ичига олган тадқиқотлар, шунингдек, қандли диабет ва артериал гипертензияда жисмоний юктамаларга бағишланган тадқиқотлар чиқариб ташланди.

Адабиётлар қидируви. Маълумотлар базаларидан жами 486 та мақола олинди. Такрорланувчи тадқиқотлар олиб ташланди. Асосий солиштира кўрсаткичлар α - ва β -хилма-хилликдаги фарқларни ҳамда бактериялар популяциялари, авлодлари ва турларининг нисбий миқдорини ўз ичига олди ($p<0,05$). Нофаол, фаол ва спортчи субъектлар натижаларини таснифлаш учун жисмоний фаоллик даражасини ўлчаш ёки тавсифлашдан фойдаланилди.

Олинган натижалар ва муҳокамалар: Олиб борилган тадқиқотлар натижасида спортчилар ва нофаол турмуш тарзини олиб боровчи одамлар ўртасида сезиларли фарқлар аниқланди. Жумладан, спортчиларда ичак микробиотасининг α -хилма-хиллиги юқорироқ эканлиги қайд этилди [21]. Бу кўрсаткич кўп жиҳатдан овқатланиш тартиби билан боғлиқ бўлиб, истеъмолат қилинадиган оксил, клетчатка

миқдори ва рационнинг умумий калорияси билан боғлиқ эканлиги аниқланган [14, 15]. Спортчиларда ва фаол турмуш тарзини олиб боровчи шахсларда *Akkermansiaceae* [14, 15, 16] ва *Faecalibacterium* [16, 17, 18, 20, 52] миқдори юқори бўлган. Спортчиларда камҳаракат турмуш тарзини олиб боровчи соғлом назорат гуруҳига нисбатан *Bacteroidetes* типи даражаси пастлиги қайд этилган [3, 21, 19]. Шу билан бирга, жисмоний фаол одамларда, жинсидан қатъи назар, кардиореспиратор чидамлилиқ даражасига кўра турли жисмоний фаоллик босқичларида максимал кислород истеъмолининг (VO_2 max) юқори, ўрта ва паст кўрсаткичлари ўртасида α - ва β -хилма-хилликда фарқлар кузатилмаган [16, 18, 19]. VO_2 max α -хилма-хилликнинг муҳим кўрсаткичи сифатида аниқланган. Бунда турлар хилма хиллик индекси VO_2 max ортиши билан аҳамиятли даражада ($p=0,011$) боғлиқ эканлиги аниқланган [16].

Турли спорт йўналишларидаги юктамаларнинг ичак микробиотаси таъсири ўрганилганда [3, 17, 20, 21], айрим йўналишлар бактериялар миқдорининг кўпайишига таъсир кўрсатгани маълум бўлди. Профессинал велосипедчиларда *Methanobrevibacter smithii* [17], ушу жанговар санъатининг юқори малакали спортчиларида *Parabacteroides*, *Phascolarctobacterium*, *Oscillibacter*, *Bilophila*, *Megasphaera* [19], спорт турлари бўйича халқаро даражадаги спортчиларда *Eubacterium rectale*, *Polynucleobacter needarius*, *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides vulgatus*, *Gordonibacter massiliensis* [20] миқдорларида ўзгаришлар кузатилган. Профессинал [44] ва юқори малакали спортчиларда [20] α -хилма-хиллик юқори эканлиги аниқланган. Юқори самарадорликка эга спортчиларда *Parabacteroides*, *Phascolarctobacterium*, *Oscillibacter*, *Bilophila* авлодлари сони кўпроқ, *Megasphaera* сони эса камроқ эканлиги қайд этилган [19]. Ижобий энергия балансига эга спортчиларда, калорияси мувозанатланган рациондаги назорат гуруҳига нисбатан *Coriobacteriaceae*, *Gammaproteobacteria*, *Shewanella*, *Xanthomonas* авлодлари миқдори паст, *Barnesiella*, *Roseburia spp.* миқдори эса юқори бўлган [21]. Спортчилар [14, 15] ва жисмоний фаол одамларда [16] *Verrucomicrobia* типига мансуб бактериялардан бири бўлган *Akkermansia muciniphila* бактерияси айниқса аҳамиятлидир. Бу бактерия ичак шиллик қаватини колонизация қилиш ва шиллик қават қалинлигини ошириш орқали организмнинг метаболик ва иммун жавобларини яхшилаш қобилияти туфайли соғлом ичак микробиотаси билан боғланади [22, 23]. *Akkermansia muciniphila*, шунингдек, қисқа занжирли ёғ кислоталари синтезида иштирок

этиб, метаболлик фаолликда муҳим роль ўйнайди [22-24]. Эътиборли жиҳати шундаки, *A. muciniphila* даражасининг пасайиши ичакнинг яллиғланиш касалликлари ва моддалар алмашинуви бузилиши бўлган беморларда кузатилади [24]. Бу эса ушбу турнинг яллиғланиш жавобини шакллантиришда иштирок этишини тахмин қилиш имконини беради.

Фаол шахсларда камҳаракат турмуш тарзини олиб борувчи одамларга қараганда сони кўпроқ бўлган яна бир кенг тарқалган бактерия *Faecalibacterium prausnitzii* ҳисобланади [20]. *Firmicutes* типига мансуб ушбу тур, интерлейкин-2 даражасини ва интерферон- γ ишлаб чиқарилишини камайтириш ҳамда яллиғланишга қарши цитокин ҳисобланадиган интерлейкин-10 секрециясини ошириш орқали иммуномодуляторлик хусусиятларига эга. *F. prausnitzii* даражасининг пасайиши ичакнинг яллиғланиш касалликлари бўлган беморларда кузатилган [25]. Бироқ, тадқиқотлар [26, 27] кўрсатганидек, *F. prausnitzii*'нинг энг муҳим вазифаси колоноцитлар учун асосий энергия манбаи ҳисобланадиган қисқа занжирли ёғ кислота бутиратни ишлаб чиқаришидир. Бу бактериялар популяцияси ичакнинг эукариотик хужайралари билан ўзаро таъсири ва уларнинг энергетик гомеостаздаги иштироки ҳисобланади.

Кекса ёшдаги кишиларда олиб борилган тадқиқотларда ичак микробиотасида ушбу бактериянинг танқислиги ва саркопения мавжудлиги ўртасидаги боғлиқлик ўрганилди [28]. Тадқиқотда қўлланилган метагеном секвенирлаш усули ёрдамида саркопения билан касалланган катта ёшлиларда соғлом назорат гуруҳига нисбатан нафақат бактериялар, жумладан *F. prausnitzii* даражасининг пасайиши билан биргаликда метаболизмининг бир нечта йўлларида иштирок этувчи генлар экспрессиясининг камайиши ҳам аниқланди. Булар асосан қисқа занжирли ёғ кислоталар синтези, каротиноидлар ва изофлавонолар биотрансформацияси ҳамда аминокислоталарнинг ўзаро алмашинуви ҳисобланади [28]. Бу эса ичак микробиотаси ва саркопения ўртасидаги боғлиқлик ҳақидаги гипотезани ҳамда *F. prausnitzii* популяциясининг жисмоний фаоллик билан боғлиқ метаболлик гомеостаздаги иштирокини ўрганиш зарурлигини исботлаш имконини берди [29, 30].

Шу билан бирга, ичак микробиотасининг таркиби ва метаболлик фаоллиги юқори жисмоний фаолликка эга одамларда нафақат овқат ҳазм қилишни яхшилашга, балки энергия тўпланишига ҳам ёрдам бериши мумкин. Бу МИТда қисқа занжирли ёғ кислоталарининг сўрилишида ҳосил бўлган энергия орқали ва қисқа занжирли ёғ кислоталарнинг липогенез [31], глюконеогенез

[33] ва термогенез билан боғлиқ генлар экспрессиясига [34] метаболлик йўллар орқали таъсир этувчи регуляторлар сифатида иштирок этиши натижасида содир бўлади. Микроорганизмлар томонидан полисахаридлар ферментацияси натижасида ҳосил бўлган ацетат [34] ёғ тўқимасидаги липолиз ва ёғ тўпланишини камайтиради, иштаҳани модуляция қилувчи бош мия нейронлари фаоллигини пасайтиради, жигарда ёғларнинг оксидланиши билан боғлиқ генлар экспрессиясини оширади. У шунингдек ёғ тўқимасининг кўнғир ёғ тўқимасига айланишига ёрдам беради. Бутират МИТдан глюкозанинг ишлатилишини назорат қилади, адипоцитлар ҳажмини камайтиради ҳамда ёғ тўқимасида липолизни ва мушакларда ёғ кислоталарининг оксидланишини кучайтиради.

Тадқиқотлар шуни кўрсатдики, спортчилар микробиотасида камҳаракат турмуш тарзини олиб борувчи одамларга қараганда метаболлик фаоллик ортади ва аминокислоталар ҳамда углеводларнинг ўзлаштирилиши билан боғлиқ метаболлик жараёнлар тезлиги кучаяди [15, 16]. Спортчиларда углеводларнинг парчаланишига, кофакторлар синтезига ва энергетик метаболизмга олиб келувчи метаболлик йўллар сони кўпроқ (маълум бўлган 34 тадан 29 таси) бўлади [15]. Бу озуқа оксидининг тўлиқроқ парчаланишига ва марказий нерв тизимида серотонинергик нейротрансмиссияда иштирок этувчи аминокислоталарнинг якуний метаболитларини юқори даражада бўлишига ёрдам беради. Ушбу жараёнлар асосида триптофан метаболизми билан боғлиқ механизмлар ётади [17, 34].

Мунтазам равишда интенсив машғулотлар билан шуғулланувчи спортчилар ахлатида ҳазм бўлмайдиган углеводлардан ҳосил бўладиган қисқа занжирли ёғ кислоталар миқдорининг ошиши кузатилади [15, 25]. Бу қисқа занжирли ёғ кислоталари қонга сўрилиб (ацетат ва пропионат), метаболизмнинг меъерий тарзда кечишини таъминлайди. Масалан, ацетат мушак тўқимасида метаболизмга учрайди [33] ва липолиз жараёнида иштирок этади [34]. Тадқиқотларда ҳайвонлар организмда [11] ацетат даражасининг юқори бўлиши жисмоний иш қобилиятининг яхшиланишига ижобий таъсир кўрсатган. Пропионат эса, жигарда синтезланадиган глюкозанинг ўтмишдоши сифатида ишлатилиши мумкин [34]. Бутират асосан йўғон ичак эпителиал хужайралари томонидан энергия манбаи сифатида ишлатилади [22]. Бу ичак тусиғининг яхлитлигини яхшилади, маҳаллий ва тизимли яллиғланиш хавфини камайтиради. Маълумки қисқа занжирли ёғ кислоталари синтези йўғон ичакда амалга оширилади ва колоноцитларни энергия билан сезиларли даражада таъминлайди [22].

Жадвал 1. Турли жисмоний фаоллик даражасига эга гуруҳлар ўртасида ичак микробиотасини ўрганиш натижалари

Текширилувчи гуруҳлар ва тадқиқот шартлари	Умумий сони	Тадқиқот натижалари
Бодибилдинг билан шуғулланувчи эркаклар (n=8), марафончилар (n=7) ва назорат гуруҳи	21	alpha ва beta-хилма хиллик ўртасида фарқ аниқланмади. Бодибилдерларда (p<0,05) ↑ <i>Faecalibacterium</i> , <i>Sutterella</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Haemophilus</i> , ↓ <i>Bifidobacterium</i> , <i>Parasutterella</i> Марафончиларда (p<0,05) ↑ <i>Bifidobacterium adolescentis</i> , <i>B. longum</i> , <i>Lactobacillus sakei</i> , <i>Blautia wexlerae</i> , <i>Eubacterium halli</i> .
Ушу (шарқ яккакураши) билан шуғулланувчи спортчилар: юқори (n=12) ва ўрта (n=10) малакали.	22	Н гуруҳида L га нисбатан; alpha хилма хиллик юқори (Шеннон индекси p=0,019 Симпсон индекси p=0,001) ↑ <i>Parabacterioides</i> , <i>Phascolarctobacterium</i> , <i>Oscillobacter</i> , <i>Bilophilina</i> , ↓ <i>Megasphaera</i>
Халқаро даражадаги спортчилар (турли спорт турлари вакиллари),	31	Турли спорт турларида alpha ва beta- хилма хилликда фарқ аниқланмади. Наъмуналарда ↑ <i>Eubacterium rectale</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Bacteroides vulgatus</i> устунлик қилди. Юқори динамик юклага эга спортчиларда: ↑ <i>Bifidobacterium animalis</i> , <i>Lactobacillus acidophilus</i> , <i>Provatella intermedia</i>
Юқори малакали спортчилар марафончилар (n=14). чангичилар (n=11) ва назорат гуруҳи	49	Марафончи ва чангичиларда alpha хилма хиллик юқори (Симпсон индекси p=0,0025) ↓ <i>Bacteroidetes</i> , ↑ <i>Provatella</i> . Назорат гуруҳидан мос равишда 20 ва 5 та таксон бўйича фарқлар аниқланмади.
Озгин эркак спортчилар (ижобий энергия баланси. (n= 12) ва назорат гуруҳи (n=12),	24	Ижобий энергия балансига эга спортчиларда: ↓ <i>Coriobacteriaceae</i> , <i>Gammaproteobacteria</i> , <i>Shewanella</i> , <i>Xanthomonas</i> : ↑ <i>Barnesiella</i> , <i>Roseburia</i> .
Профессионал аёл эшакчилар: катта ёшли чемпионлар (n=7), ёш чемпионлар (n=6) ва ёш чемпион булмаганлар (n=6).	19	Чемпионларда alpha хилма хиллик юқори (p<0,01) ↑ <i>Firmicutes</i> , <i>Proteobacteria</i> Чемпион бўлмаганларда ↑ <i>Bacteroidetes</i> , ёш чемпионларда ↑ <i>Euryarchaeota</i> ↑ <i>Faecalibacterium Ruminococcaceae</i> , <i>Lachnospiraceae</i> .
Эркак регбичилар (n=40) ва 2 та назорат гуруҳи; нормал ТВИ (n=20) ва юқори ТВИ (n=20).	80	Спортчилар гуруҳида alpha хилма хиллик юқори (p=0,0064) ТВИ≤25 бўлганлар билан солиштирилганда ↑40 таксон ↓ <i>Bacteroidetes</i> , ↓ <i>Lactobacillaceae</i> , ТВИ>28 бўлган спортчилар билан солиштирилганда ↑48 таксон, ↑ <i>Akkermansiaceae</i>
Соғлом йигит ва қизлар (паст, ўрта ва юқори чидамликка эга).	19	alpha ва beta-хилма хиллик ўртасида фарқ аниқланмади.
Фаол турмуш тарзидаги аёллар (n=12) ва камҳаракат аёллар (n=13).	25	Кам ҳаракат аёлларда: ↑ <i>Barnesiellaceae</i> , <i>Odoribacteraceae</i> , <i>Bifidobacterium</i> . Фаол аёлларда: ↑ <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Roseburia hominis</i> , <i>Akkermansia muciniphila</i> .
Велосипедчилар (профессионал ва ҳаваскорлар)	55	Профессионалларда хилма-хиллик юқори (p=0,0004). <i>Provatella</i> машқ қилиш вақти билан тўғри корреляция қилди. Профессионалларда <i>Methanobrevibacter smithii</i> миқдори юқори
19 ёшдан 49 ёшгача бўлган аёллар.	64	Юқори чидамликда: ↑ <i>Bacteroides</i> , ↓ <i>Eubacterium rectale</i> .
Олий ўқув юрти талабалари	74	alpha ва beta-хилма хиллик ўртасида фарқ аниқланмади.
Соғлом катта ёшли шахслар	35	alpha ва beta-хилма хиллик ўртасида фарқ аниқланмади.
Қисқартмалар ва белгилар: ↑ / ↓ - бактериялар улушининг мос равишда ортиши ёки камайиши. ТВИ - тана вазни индекси. VO ₂ тах- кислороднинг максимал истеъмоли. α- ва β-хилма-хиллик - микробиомнинг турли кўрсаткичлар бўйича хилма-хиллиги		

Юқори малакали спортчиларнинг ичак микробиотаси таркиби бўйича ўтказилган тадқиқотлар кам бўлишига қарамасдан, улар малака даражаси ва муайян таксонларнинг хилма-хиллиги ўртасида боғлиқлик мавжудлигини етарлича аниқ кўрсатиб беради [17, 22, 21].

Юқоридаги жадвалда 8 та давлатдан марафон, бодибилдинг, ушу, регби, эшкак эшиш, велосипед спорти, чанги спорти билан шуғулланувчи 518 нафар иштирокчилар танлаб олинган. Ичакдаги микроорганизмлар турларининг кўплиги бўйича альфа хилма-хиллик (α -diversity) таҳлили ўтказилганда натижалар 46 ва 54 тага тақсимланди. Юқори хилма-хиллик асосан профессионал ва элита спортчиларда (регбичилар, эшкакчилар, ушу усталари) кузатилган. Оддий жисмоний фаол талабалар ёки ҳаваскорларда фарқ камроқ намоён бўлган. Бу жисмоний юкламанинг "интенсивлик бўсағаси" мавжудлигини кўрсатади. Тадқиқотлар давомида энг кўп учраган ижобий ва салбий ўзгаришлар куйидагилар:

Кардиореспиратор чидамлилиқ (VO_2 max): Юқори VO_2 max кўрсаткичи *Bacteroides* миқдорининг ортиши ва *Eubacterium rectale* камайиши билан тўғри пропорционал боғлиқ ($r = 0,45-0,60$) эканлиги аниқланди. ТВИ паст ва жисмоний фаол шахсларда микробиота хилма-хиллиги ТВИ юқори бўлган камҳаракат шахсларга нисбатан 22-28 марта кўп учради. Ижобий энергия балансига эга спортчиларда *Roseburia* миқдори ортиши кузатилди. Чидамлилиқни ривожлантирувчи спорт турлари (марафон, велосипед) билан шуғулланувчиларда асосан *Prevotella* ва *Akkermansia* бактерияларининг ортиши кузатилди. Кўп куч ишлатиладиган спорт турлари (бодибилдинг) билан шуғулланувчи спортчиларда эса протеин миқдори юқорилиги сабабли *Bifidobacterium* камайиши ва *Clostridium* ортиши кузатилди. Аралаш спорт турлари (регби, ушу) билан шуғулланувчиларда эса, энг юқори таксономик хилма-хиллик (40-48 та янги таксон) аниқланди.

Шуни таъкидлаш жоизки, инсон организмнинг ўзи энергия метаболизмига киришувчи микробиотанинг муайян вакиллари учун эндоген субстратлар манбаи ҳисобланади. Хусусан, сичқонларда ўтказилган тадқиқот шуни кўрсатдики [32], анаэроб машқлар пайтида скелет мушаклари томонидан ишлаб чиқарилган $13C_3$ -нишонланган лактат қон айланиш тизими орқали ичак бўшлиғига тушади ва йўғон ичак бактерияларининг муайян тури ҳисобланадиган *Veillonella atypica* учун субстрат сифатида ишлатилади. Ўз навбатида, бактериялар машқ қилаётган инсон учун фойдали бўлган пропионат каби метаболитларни ишлаб чиқаради. Ушбу тадқиқотлар шуни кўрсатадики, *V. atypica*

лактатни пропионатга айлантириш орқали жисмоний юкламада шаклланадиган лактат метаболизмини тезлаштиради ва микробиота вакилларида кодланган, спорт натижаларини яхшилайдиган табиий ферментатив жараёни бошлаб беради.

Спортчиларда ичак микробиотасини тадқиқ қилишдан олдин про- ва пребиотиклар қабул қилиниши ҳақида ҳам маълумот тўплаш зарур. Чунки *Lactobacillus* ва *Bifidobacterium* авлодларининг регенератив ва иммунологик афзалликлари ҳақидаги тадқиқотлар пайдо бўлиши билан уларни истеъмол қилиш спортчилар орасида кенг тарқалди [35].

Жанубий Америка ва Африкалик спортчиларнинг овқатланиш рационали ривожланган мамлакатлардаги спортчиларниқидан сезиларли даражада фарқ қилади [36]. Бу биринчи навбатда ўсимлик компонентлари, жумладан озуқа толалари миқдорининг юқорилиги билан боғлиқ. Ушбу минтақа вакиллари кўпинча юқори спорт натижалари ва чидамлилиқ даражасини намоиш этадилар. Масалан, афроамерикаликларнинг овқатланиш рационали атиги 2 ҳафтага ўзгартирилганда, бутират ишлаб чиқарувчи бактериялар миқдори ортанлиги кузатилган [36]. Ичак микробиотаси таркибини ўрганишдан ташқари, яллиғланишга мойил ва метаболит маркерлар миқдорини аниқлаш ҳам фойдали ҳисобланади. Чунки бу маълумотлар организм метаболизм жараёни ва жисмоний ҳолати ҳақида қўшимча маълумот беради [37, 38].

Соғлом кишилар ва спортчиларда микробиотани оптималлаштириш уларнинг мусобақалардаги натижадорлигига ижобий таъсир кўрсатиши сабабли, пробиотиклар доимий равишда потенциал номзод сифатида қаралади. Профессионал олимпия спортчиси *Bifidobacterium longum* OLP-01 пробиотик маҳсулотини истеъмол қилгандан кейинги олинган намуналардаги таҳлилий маълумотлардан маълум бўлдики, доимий равишда интенсив спорт билан шуғулланувчи ва камҳаракат турмуш тарзини олиб борувчи (назорат гуруҳи) одамларда узок давом этувчи чидамлилиқ юкламаси натижасида келиб чиққан яллиғланиш ва шикастланиш кўрсаткичларини сезиларли даражада камайтирганлиги аниқланди. Бундан ташқари, ацетат, пропионат ва бутират каби қисқа занжирли ёғ кислота миқдори спорт билан шуғулланувчи гуруҳида назорат гуруҳига қараганда анча юқори бўлган [34]. Бу эса машғулот ўтувчи спортчиларга маълум пробиотик штаммларни кўшиш уларнинг жисмоний юкламалар давомида физиологик мослашуви ва иш қобилиятини яхшилашини исботлайди.

Хулоса. Ушбу шарҳда турли жисмоний фаолликка эга шахслар иштирокидаги тадқиқотларда олинган ичак микробиотаси вакилларининг хилма-хиллиги ва нисбий миқдорини баҳоловчи асосий натижаларни умумлаштиришга ҳаракат қилинди. Олиб борилган тадқиқотлар юқори натижадорликка олиб келувчи эҳтимолий механизмларни аниқлаш бўйича ёндашувларни тақдим этган бўлса-да, индивидуал хусусиятлар ва микробиом таркибига таъсир қилиши мумкин бўлган кўплаб омилларнинг таъсирини ҳисобга олиш муҳимдир.

Жисмоний машқлар инсон организмида фойдали метаболик ўзгаришларни келтириб чиқариши мумкин бўлган маълум ичак бактериялари миқдорини оширишга ёрдам бериши ҳақидаги маълумотларни таҳлил қилиб, шундай хулосага келиш мумкинки, далилларнинг тегишли ишончлилиқ даражасини таъминлаш учун турли хил машқларни (чидамлилиқ машқлари ва юқори интенсивли машғулотлар) ҳисобга олган ҳолда, алоҳида ёш гуруҳларини ва кўп тармоқли баҳолашларни ўз ичига олган ҳамда назорат қилинадиган клиник кузатувлар шаклидаги тадқиқотлар зарурлигини белгилайди.

Адабиётлар:

1. Barton W., Penney N.C., Cronin O., Garcia-Perez I., Molloy M.G., 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. Vol. 67. P. 625–633. DOI: <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2016-313627>
2. Bilezikian J.P., Brandi M.L., Cusano N.E. et al. Management of Hypoparathyroidism: Present and Future // *J Clin Endocrinol Metab*. 2016. Vol. 101. P. 2313–2324. DOI: <https://doi.org/10.1210/jc.2015-3910>
3. Bressa C., Bailén-Andrino M., Pérez-Santiago J., González-Soltero R., Pérez M., Montalvo-Lominchar M.G. et al. Differences in gut microbiota profile between women with active lifestyle and sedentary women // *PLoS One*. 2017. Vol. 12. Article ID e0171352. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0171352>
4. Cani P.D., Van Hul M., Lefort C., Depommier C., Rastelli M., Everard A. Microbial regulation of organismal energy homeostasis // *Nat Metab*. 2019. Vol. 1. P. 34–46. DOI: <https://doi.org/10.1038/s42255-018-0017-4>
5. Clarke S.F., Murphy E.F., O’Sullivan O., Lucey A.J., Humphreys M., Hogan A. et al. Exercise and associated dietary extremes impact on gut microbial diversity // *Gut*. 2014. Vol. 63. P. 1913–1920. DOI: <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2013-306541>
6. De Vadder F., Kovatcheva-Datchary P., Zitoun C., Duchamp A., Bäckhed F., Mithieux G. Microbiota-

- produced succinate improves glucose homeostasis via intestinal gluconeogenesis // *Cell Metab*. 2016. Vol. 24. P. 151–157. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2016.06.013>
7. Derrien M., Alvarez A.-S., de Vos W.M. The gut microbiota in the first decade of life // *Trends Microbiol*. 2019. Vol. 27. P. 997–1010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tim.2019.08.001>
 8. Derrien M., Belzer C., de Vos W.M. Akkermansia muciniphila and its role in regulating host functions // *Microb Pathog*. 2017. Vol. 106. P. 171–181. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2016.02.005>
 9. Donati Zeppa S., Agostini D., Gervasi M., Annibaldi G., Amatori S., Ferrini F. et al. Mutual interactions among exercise, sport supplements and microbiota // *Nutrients*. 2019. Vol. 12. P. 17. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu12010017>
 10. Durk R.P., Castillo E., Márquez-Magaña L., Grosicki G.J., Bolter N.D., Lee C.M. et al. Gut microbiota composition is related to cardiorespiratory fitness in healthy young adults // *Int J Sport Nutr Exerc Metab*. 2019. Vol. 29. P. 249–253. DOI: <https://doi.org/10.1123/ijsnem.2018-0024>
 11. Fu X., Liu Z., Zhu C., Mou H., Kong Q. Nondigestible carbohydrates, butyrate, and butyrate-producing bacteria // *Crit Rev Food Sci Nutr*. 2019. Vol. 59. P. S130–S152. DOI: <https://doi.org/10.1080/10408398.2018.1542587>
 12. Han M., Yang K., Yang P., Zhong C., Chen C., Wang S. et al. Stratification of athletes’ gut microbiota: the multifaceted hubs associated with dietary factors, physical characteristics and performance // *Gut Microbes*. 2020. Vol. 12. P. 1–18. DOI: <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1842991>
 13. Heaney R.P., Dowell M.S., Barger-Lux M.J. Absorption of calcium as the carbonate and citrate salts // *Osteoporos Int*. 2018. Vol. 9. P. 19–23. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF01623487>
 14. Holmes E., Li J.V., Marchesi J.R., Nicholson J.K. Gut microbiota composition and activity in relation to host metabolic phenotype and disease risk // *Cell Metab*. 2012. Vol. 16. P. 559–564. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2012.10.007>
 15. Jang L.-G., Choi G., Kim S.-W., Kim B.-Y., Lee S., Park H. The combination of sport and sport-specific diet is associated with characteristics of gut microbiota: an observational study // *J Int Soc Sports Nutr*. 2019. Vol. 16. P. 21. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12970-019-0290-y>
 16. Jandhyala S.M., Talukdar R., Subramanyam C., Vuyyuru H., Sasikala M., Nageshwar Reddy D. Role of the normal gut microbiota // *World J Gastroenterol*. 2015. Vol. 21. P. 8787–8803. DOI: <https://doi.org/10.3748/wjg.v21.i29.8787>
 17. Kestenbaum B., Sampson J.N., Rudser K.D. et al. Serum phosphate levels and mortality risk among people with chronic kidney disease // *J Am Soc*

- Nephrol. 2015. Vol. 16. P. 520–528. DOI: <https://doi.org/10.1681/ASN.2004090761>
- 18.Kulecka M., Fraczek B., Mikula M., Zeber-Lubecka N., Karczmariski J., Paziewska A. et al. The composition and richness of the gut microbiota differentiate the top Polish endurance athletes from sedentary controls // *Gut Microbes*. 2020. Vol. 11. P. 1374–1384. DOI: <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1758009>
- 19.Liang R., Zhang S., Peng X., Yang W., Xu Y., Wu P. et al. Characteristics of the gut microbiota in professional martial arts athletes: a comparison between different competition levels // *PLoS One*. 2019. Vol. 14. Article ID e0226240. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226240>
- 20.Lopez-Siles M., Enrich-Capó N., Aldeguer X., Sabat-Mir M., Duncan S.H., Garcia-Gil L.J. et al. Alterations in the abundance and co-occurrence of *Akkermansia muciniphila* and *Faecalibacterium prausnitzii* in the colonic mucosa of inflammatory bowel disease subjects // *Front Cell Infect Microbiol*. 2018. Vol. 8. P. 281. DOI: <https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00281>
- 21.Louis P., Flint H.J. Diversity, metabolism and microbial ecology of butyrate-producing bacteria from the human large intestine // *FEMS Microbiol Lett*. 2009. Vol. 294. P. 1–8. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2009.01514.x>
- 22.Macchione I.G., Lopetuso L.R., Ianiro G., Napoli M., Gibiino G., Rizzatti G. et al. *Akkermansia muciniphila*: key player in metabolic and gastrointestinal disorders // *Eur Rev Med Pharmacol Sci*. 2019. Vol. 23. P. 8075–8083. DOI: https://doi.org/10.26355/eurrev_201909_19024
- 23.Marttinen M., Ala-Jaakkola R., Laitila A., Lehtinen M.J. Gut microbiota, probiotics and physical performance in athletes and physically active individuals // *Nutrients*. 2020. Vol. 12. P. 1–39. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu12102936>
- 24.Moszak M., Szulińska M., Bogdański P. You are what you eat – the relationship between diet, microbiota, and metabolic disorders – a review // *Nutrients*. 2020. Vol. 12. Article ID 1096. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu12041096>
- 25.Motiani K.K., Collado M.C., Eskelinen J.-J., Virtanen K.A., Löyttyniemi E., Salminen S. et al. Exercise training modulates gut microbiota profile and improves endotoxemia // *Med Sci Sports Exerc*. 2020. Vol. 52. P. 94–104. DOI: <https://doi.org/10.1249/MSS.0000000000002112>
- 26.Mu C., Zhu W. Antibiotic effects on gut microbiota, metabolism, and beyond // *Appl Microbiol Biotechnol*. 2019. Vol. 103. P. 9277–9285. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00253-019-10165-x>
- 27.O'Donovan C.M., Madigan S.M., Garcia-Perez I., Rankin A., O'Sullivan O., Cotter P.D. Distinct microbiome composition and metabolome exists across subgroups of elite Irish athletes // *J Sci Med Sport*. 2020. Vol. 23. P. 63–68. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jsams.2019.08.290>
- 28.O'Keefe S.J.D., Li J.V., Lahti L., Ou J., Carbonero F., Mohammed K. et al. Fat, fibre and cancer risk in African Americans and rural Africans // *Nat Commun*. 2015. Vol. 6. P. 1–14. DOI: <https://doi.org/10.1038/ncomms7342>
- 29.Ottman N., Geerlings S.Y., Aalvink S., de Vos W.M., Belzer C. Action and function of *Akkermansia muciniphila* in microbiome ecology, health and disease // *Best Pract Res Clin Gastroenterol*. 2017. Vol. 31. P. 637–642. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.bpg.2017.10.001>
- 30.Petersen L.M., Bautista E.J., Nguyen H., Hanson B.M., Chen L., Lek S.H. et al. Community characteristics of the gut microbiomes of competitive cyclists // *Microbiome*. 2017. Vol. 5. P. 98. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-017-0320-4>
- 31.Rizaev J. A., Nazarova N. S., Vohidov E. R. Homilador ayollarda parodont kasalliklari rivojlanishining patogenetik jihatlari // *Журнал гуманитарных и естественных наук*. – 2024. – №. 11 [2]. – С. 104-107.
- 32.Rizaev J. A., ugli Sattorov B. B., Nazarova N. S. Analysis of the scientific basis for organizing dental care for workers in contact with epoxy resin // *Журнал гуманитарных и естественных наук*. – 2024. – №. 15. – С. 280-283.
- 33.Rizaev J. A., Rizaev E. A., Akhmadaliev N. N. Current View of the Problem: A New Approach to Covid-19 Treatment // *Indian Journal of Forensic Medicine & Toxicology*. – 2020. – Т. 14. – №. 4.
- 34.Rizaev J. A., Maeda H., Khramova N. V. Plastic surgery for the defects in maxillofacial region after surgical resection of benign tumors // *Annals of Cancer Research and Therapy*. – 2019. – Т. 27. – №. 1. – С. 22-23.
- 35.Rizaev J. A., Kuliev O. A. Risk factors of anemia in children and prognosing of it // *Электронный инновационный вестник*. – 2018. – №. 4. – С. 62-65.
- 36.Rizaev J. A. et al. The need of patients with systemic vasculitis and coronavirus infection in the treatment of periodontal diseases // *Applied Information Aspects of Medicine (Prikladnye informacionnye aspekty mediciny)*. – 2022. – Т. 25. – №. 4. – С. 40-45.
- 37.Rizaev J. A., Ruzimurotova Y. S., Khaydarova G. A. The impact of social and health factors at work and at home on nurses'health // *Вестник магистратуры*. – 2022. – №. 2-1 (125). – С. 10-12.
- 38.Singh V., Chassaing B., Zhang L., San Yeoh B., Xiao X., Kumar M. et al. Microbiota-dependent hepatic lipogenesis mediated by stearoyl CoA desaturase 1 (SCD1) promotes metabolic syndrome in TLR5-deficient mice // *Cell Metab*. 2015. Vol. 22. P. 983–996. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2015.09.028>

39. Sikjaer T., Rejnmark L., Rolighed L. et al. The PARADOX study: hypoparathyroidism and long-term outcomes // *Eur J Endocrinol*. 2019. Vol. 174. P. 303–313. DOI: <https://doi.org/10.1530/EJE-15-0937>
40. Straub D.A. Calcium supplementation in clinical practice: a review of forms, doses, and indications // *Nutr Clin Pract*. 2017. Vol. 22. P. 286–296. DOI: <https://doi.org/10.1177/0115426507022003286>
41. Ticinesi A., Mancabelli L., Tagliaferri S., Nouvenne A., Milani C., Del Rio D. et al. The Gut-muscle axis in older subjects with low muscle mass and performance: a proof-of-concept study exploring fecal microbiota composition and function with shotgun metagenomics sequencing // *Int J Mol Sci*. 2020. Vol. 21. Article ID 8946. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms21238946>
42. Ticinesi A., Nouvenne A., Cerundolo N., Catania P., Prati B., Tana C. et al. Gut microbiota, muscle mass and function in aging: a focus on physical frailty and sarcopenia // *Nutrients*. 2019. Vol. 11. Article ID 1633. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu11071633>
43. Ticinesi A., Tana C., Nouvenne A. The intestinal microbiome and its relevance for functionality in older persons // *Curr Opin Clin Nutr Metab Care*. 2019. Vol. 22. P. 4–12. DOI: <https://doi.org/10.1097/MCO.0000000000000521>
44. Tremaroli V., Bäckhed F. Functional interactions between the gut microbiota and host metabolism // *Nature*. 2012. Vol. 489. P. 242–249. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature11552>
45. Whisner C.M., Maldonado J., Dente B., Krajmalnik-Brown R., Bruening M. Diet, physical activity and screen time but not body mass index are associated with the gut microbiome of a diverse cohort of college students living in university housing: a cross-sectional study // *BMC Microbiol*. 2018. Vol. 18. P. 210. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12866-018-1362-x>
46. Wilson A.S., Koller K.R., Ramaboli M.C., Nesen-gani L.T., Ocvirk S., Chen C. et al. Diet and the human gut microbiome: an international review // *Dig Dis Sci*. 2020. Vol. 65. P. 723–740. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10620-020-06112-w>
47. Wolters M., Ahrens J., Román-Pérez M., Watkins C., Sanz Y., Benítez-Pérez A. et al. Dietary fat, the gut microbiota, and metabolic health – a systematic review conducted within the MyNewGut project // *Clin Nutr*. 2019. Vol. 38. P. 2504–2520. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2018.12.024>
48. Yang Q., Liang Q., Balakrishnan B., Belobrajdic D.P., Feng Q.-J., Zhang W. Role of dietary nutrients in the modulation of gut microbiota: a narrative review // *Nutrients*. 2020. Vol. 12. Article ID 12020381. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu12020381>
49. Yang Y., Shi Y., Wiklund P., Tan X., Wu N., Zhang X. et al. The association between cardiorespiratory fitness and gut microbiota composition in premenopausal women // *Nutrients*. 2017. Vol. 9. P. 792. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu9080792>
50. Zeng M.Y., Inohara N., Nuñez G. Mechanisms of inflammation-driven bacterial dysbiosis in the gut // *Mucosal Immunol*. 2017. Vol. 10. P. 18–26. DOI: <https://doi.org/10.1038/mi.2016.75>
51. Zeppa S.D., Agostini D., Gervasi M., Annibalini G., Amatori S., Ferrini F. et al. Mutual interactions among exercise, sport supplements and microbiota // *Nutrients*. 2020. Vol. 12. P. 17. DOI: <https://doi.org/10.3390/nu12010017>
52. Шевелева С.А., Куваева И.Б., Ефимочкина Н.Р., Маркова Ю.М., Просянных М.Ю. Микробиом кишечника: от эталона нормы к патологии // *Вопросы питания*. 2020. Т. 89, № 4. С. 35–51. DOI: <https://doi.org/10.24411/0042-8833-2020-10040>

ВЛИЯНИЕ ФИЗИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ НА КИШЕЧНУЮ МИКРОБИОТУ

Юсупов М.И.

***Резюме.** В данной статье рассматривается влияние физических нагрузок на состав и разнообразие микрофлоры кишечника. Исследования показывают, что регулярные физические упражнения способствуют увеличению количества полезных бактерий, в частности видов, вырабатывающих короткоцепочечные жирные кислоты. Этот процесс способствует улучшению метаболизма, снижению воспалительных процессов и укреплению иммунитета. Особенности микробиоты у спортсменов напрямую связаны с их выносливостью и способностью к восстановлению после нагрузок. Это открывает новые перспективы для повышения спортивных результатов.*

***Ключевые слова:** Физическая активность, кишечный микробиом, метаболизм, короткоцепочечные жирные кислоты, спортивная нутрициология, бактериальное разнообразие, пробиотики, здоровый образ жизни.*