

运动员肠道菌群区系与身体素质的关系研究现状

刘志刚,冯海峰*,庄俊涛,刘勉

山东农业大学体育与艺术学院, 山东 泰安 271018

摘要: 本论文综述了运动员胃肠道菌群的变化与身体素质的关系。微生态制剂可以明显提高运动员的运动能力, 解决运动性胃肠综合征问题, 提高运动员的身体素质。

关键词: 运动员; 肠道菌群; 体质

中图分类号: [R153.5]

文献标识码: A

文章编号: 1000-2324(2016)03-0477-04

The Research Status about Relationship between Intestinal Flora of Athletes and Physical Quality

LIU Zhi-gang*, FENG Hai-feng*, ZHUANG Jun-tao, LIU Mian

Sports and Art College of Shandong Agricultural University, Taian 271018, China

Abstract: In this paper, athletes intestinal flora fauna and physical relationship is reviewed. Insisting on taking probiotics can improve the athletes' athletic ability significantly and solve the problem of gastrointestinal motility syndrome. The physical quality of athletes is greatly enhanced.

Keywords: Athletes; intestinal flora; physical quality

运动员机体是一个复杂的有机体, 各个功能系统之间呈相辅相成的联系, 平衡的胃肠免疫系统以及积极的免疫活性可以防止运动引起的胃肠综合征的发生^[1-3]。关于体育运动对运动员肠道菌群区系与身体素质的关系研究, 国内外有所报道^[1-10], 现综述如下, 以促使同行对本领域的深入研究。

1 运动员胃肠道正常菌群的组成及其作用

1.1 运动员胃肠道正常菌群的组成

随着运动员微生物学研究的深入, 证实定植在机体胃肠道内微生物菌群区系主要是由细菌组成, 前期对抽取的山东农大运动员肠道的正常菌群进行分离鉴定, 对定植在胃肠道内的正常微生物区系进行研究, 发现运动员肠道中的优势菌群为嗜酸乳杆菌 (*Lactobacillus acidophilus*)、卷曲乳杆菌 (*L. crispatus*)、鼠李糖乳杆菌 (*L. rhamnosus*) 和唾液乳杆菌 (*L. salivarius*)^[11]。乳酸杆菌是应用最早、应用历史最长的微生物添加剂, 也是机体肠道的优势菌群之一。

通常人胃肠道栖息的细菌大约 30 个属, 主要分为三种类型: 共生菌、致病菌、和中间性菌。第 1 种为共生菌, 包括类杆菌、优杆菌、消化球菌和双歧杆菌, 其功能主要为辅助维生素、蛋白质合成, 促进消化吸收和防止外来菌进入; 第 2 种为致病菌, 包括韦氏梭菌、葡萄球菌、变形杆菌和假单胞菌, 它们有致自身感染的作用, 但在菌群处于平衡状态时数量较少, 不表现出致病性; 第 3 种为中间性菌, 包括大肠埃希氏菌、链球菌和韦荣球菌, 其作用介于前两种之间^[4,5]。总的说来肠道菌群主要由厌氧菌、兼性厌氧菌和需氧菌组成, 其中专性厌氧菌占 99% 以上, 而仅类杆菌及双歧杆菌就占细菌总数的 90% 以上。

1.2 运动员胃肠道正常菌群的作用

1.2.1 正常菌群对机体的作用 肠道正常菌群对机体有免疫和营养两方面的作用。与机体免疫的关系包括特异性免疫与非特异性免疫两个方面。特异性免疫是由于原籍菌 (固有菌群) 与宿主组织具有相同的或相似的抗原性, 导致宿主对原籍菌不易产生抗体, 如对双歧杆菌, 尽管菌的数量很大, 机体一般不会产生抗体; 对于一些外籍菌 (过路菌), 机体仍然能产生特异性抗体, 并且这种抗体能象正常的免疫抗体一样提供保护。正常菌群在免疫方面的作用, 更重要的还是非特异性免疫反应。正

收稿日期: 2016-02-10

修回日期: 2016-03-20

基金项目: 山东星火计划项目

作者简介: 刘志刚(1958-),男,副教授,研究方向为足球运动及阳光体育运动. E-mail:zhigang5807@sina.com

*同等贡献作者: 冯海峰(1962-),女,副教授,研究方向为小球类运动。

常菌群作为抗原,能够刺激宿主的免疫机能成熟。

与营养的关系包括帮助消化吸收,合成维生素和蛋白质。帮助消化吸收,如消化道中的微生物在食物的消化吸收中起重要的作用。人体胃肠道正常菌群均参与营养物质的吸收,如大肠内的微生物能提高蛋白质的生物学价值;肠菌群中数量最多的双歧杆菌由于能产生各种酶,将不溶性蛋白、脂肪和糖等变为可溶性,以利吸收。合成维生素和蛋白质,肠道菌能合成维生素已得到试验证实,不同细菌产生维生素的能力不同,如双歧杆菌能产生维生素 B₁、B₂、B₆、B₁₂、叶酸、烟酸,大肠杆菌能产生维生素 K,乳链球菌能产生维生素 C。总之,机体为正常菌群提供进行生命活动的场所,而正常菌群则通过促进机体营养物质的吸收和消化,以维护机体健康和增强其抗感染的能力^[5,11]。

1.2.2 正常菌群对机体肠道病原菌的作用 正常菌群提供的保护肠道免受潜在病原菌定植的能力称为定植抗力。荷兰微生物学者 Van der waaij 等提出定植抗力学说,认为人或动物肠道内厌氧菌占 95% 以上,对外来菌(致病菌或非致病菌)在其肠道内定居表现出一定的定植抗力^[12,13]。定植抗力受宿主因素和正常微生物群的双重影响,而尤以后者为重要。宿主因素主要为机械清除(如肠蠕动、纤毛运动等)、粘液分泌、上皮细胞脱落和分泌型免疫球蛋白抗体(IgA),而正常微生物群主要来自其他厌氧菌的成员。任何有正常微生物群栖居的腔道都有定植抗力存在,而尤以肠道为最明显。

2 运动员胃肠道正常菌群的作用机理^[14,15,16]

正常菌群的作用机理目前还不是很清楚,但主要的有以下几种理论或假说。

2.1 优势菌群理论

在机体的正常微生物群中只有少数种群在数量上占有绝对的优势,在整个群起控制作用。该优势种群受到破坏即可导致微生态失调。

2.2 生物屏障理论

正常微生物群构成机体的防御屏障,这包括生物学屏障和化学屏障两类,生物学屏障是指微生物群有序的定植于黏膜皮肤等的表面形成生物膜样结构,从而影响致病菌等的定植繁殖;化学屏障是指正常菌群所产生的代谢产物乙酸、丙酸、乳酸、细菌素和其他活性物质。

2.3 生物夺氧理论

是指微生态制剂中有益的耗氧微生物在生物体内定植,可降低局部氧分子浓度,扶植厌氧微生物生长,提高其定植力,从而使失调的微生态恢复平衡,达到治疗疾病的目的。

2.4 三流循环假说

三流循环即能源流、物质流及基因流的循环能源运转,正常微生物群内部与宿主保持着能源交换和运转的关系。植物、动物及人类与正常微生物之间或正常微生物彼此之间都存在着能源的交换;物质交换,正常微生物群与宿主通过降解与合成进行物质交换。裂解的细胞与细胞外酶可为微生物利用,而微生物产生的酶、维生素、刺激素以及微生物的细胞成分也可为宿主细胞利用;基因交换,在正常微生物之间有着广泛的基因交换,如耐性因子、产毒因子等都可在正常微生物之间通过物质的传递进行交换。微生态制剂可以抑制腐败微生物的过度生长,降解肠道内有毒物质如氨、酚等,保证微生态系统中能量流、物质流和基因流的正常运转。

3 运动员胃肠道微生态平衡

微生态平衡是在长期的历史进化过程中形成的正常微生物与人在不同发展阶段的动态生理组合。微生态平衡是微生物学的核心,正确地理解该平衡,有利于运动员采取合理的生态防治措施,以恢复和保持这种平衡。

3.1 维持胃肠道微生态平衡的因素

由胃肠道正常菌群与宿主间共同形成的微生态系统,其成分至少包括:生物成分,如原籍菌、外籍菌和胃肠道上皮细胞;食源性非生物成分,即在小肠中没有被消化的食物;来自唾液和肠、胃、

胰、肝脏的分泌物,包括激素、酶、粘液、胆盐、尿素、免疫球蛋白、肽等,以及其它一些未知成分。所有这些成分的相互作用共同维持微生态平衡,使宿主得以正常存活。其中,胃肠道正常菌之间的交互作用是促使肠道中细菌达到平衡的主要力量^[7,9,13]。

3.2 胃肠道微生态平衡失调的因素

造成胃肠道微生态失调的因素很多,归纳起来分为环境、机体、微生物三个方面。影响胃肠道微生态平衡的环境因素主要因素有:温度、酸碱度、空气中氧含量、氨含量、病原微生物、食物、饮水和药物。氧含量过低、氨含量过高、病原微生物增多、气温过高过低、食物的突然改变、饮水污染和抗生素的使用等均会直接造成机体生理机能严重失调、代谢紊乱、感染,造成疾病的发生与流行。药物中对微生态平衡影响最大的是抗生素。抗生素的使用不当会摧毁机体所拥有的正常微生物屏障,使那些原来被菌群屏障所抑制的内源性或外源性病原菌得以大量繁殖。例如,运动员在治疗腹泻时,由于大量使用抗生素,不仅杀死了致病菌,也对肠道内的厌氧菌(如乳杆菌、双歧杆菌等)有明显抑制或杀灭作用,使机体的抵抗力下降,同时增加对外源性感染的敏感性^[7,12]。环境对微生物的影响以间接为主,主要是通过机体生理功能的改变,从而使微生物菌群失调,定植状态异常以及微生物性能改变。机体的生理功能、免疫功能、遗传性能等因素的改变均会直接或间接影响胃肠道微生态系统的平衡。生理异常有胃酸减少或缺乏、肠道蠕动过速或缓慢和胆酸分泌减少、肠道黏液分泌过少等。免疫缺陷、营养失调、疾病等可以引起免疫减弱或抑制的因素都能导致微生态失调。

肠道内微生物菌群的自身状态与机体间关系的改变,也会引起微生态失调。优势菌常常是决定一个微生物群生态平衡的核心因素,一般肠道内的厌氧菌占绝对优势,如果这个优势下降或消失,就会导致微生态平衡的破坏^[10,12]。

总之,影响上述三种成分的因素十分复杂,而且它们相互之间亦互相影响,这三个方面的因素都有可能最终导致胃肠道微生态平衡的失调。

3.3 运动员胃肠道微生态平衡的恢复

在某种意义上,胃肠道是控制和调节运动员适应和再生能力系统的一部分。在运动过程中,机体所发生的一系列的变化将会导致胃肠系统的功能及其结构的变化,这些变化均会降低胃肠道对体液及营养物质的吸收,导致脱水和能量贮存不足,从而影响运动员的运动能力。近年来,体育运动已经以不同的形式在社会中广泛流行,经常从事体育锻炼,对胃肠道的机能有良好影响,可以使胃肠的蠕动增强,消化液的分泌增多,因而提高了消化和吸收的能力,使人的食欲增加,有利于增强体质。当运动员机体胃肠道微生态平衡失调时,机体就会表现出一系列症状。如剧烈的紧张性运动则会导致胃肠功能紊乱,引起呕吐、腹痛、腹泻等不良症状,这在运动员,尤其是耐力运动员中尤为常见,即引起运动性胃肠综合征^[2,3]。治疗这一类疾病的关键也就在于纠正微生态平衡失调,使之得到恢复,用于恢复菌群失调的措施一般有三种:免疫接种、抗生素治疗和菌群调节。前两种主要针对病原菌,而后一种则是针对正常菌,在前两种方法均受到严重限制或存在严重缺陷的情况下,用于恢复菌群失调的最佳途径只能是从微生态学角度治疗了,即用正常菌群的某一种或某几种成分制成活菌制剂来纠正菌群失调。

4 微生态制剂对运动员身体素质的增强作用

定植在胃肠道内微生物菌群区系主要是由许多细菌组成,它们附着在肠内粘膜上,参与机体的食物消化、药物代谢、合成维生素和防止外源致病菌入侵肠道,对于维持人类健康和实现各种生理功能起着非常重要的作用。人体肠道内这些微生物与人体胃肠的功能关系密切。在研究运动员胃肠功能的变化时,胃肠道的微生物区系是不容忽视的因素。通过运动员口服微生态制剂来研究微生态制剂对运动员身体素质的增强作用,结果发现农业大学运动员口服微生态制剂后明显增强了运动员的抗应急、抗疲劳、抗感冒的能力^[17]。可见运动员肠道菌群区系与身体素质关系密切,坚持服用微生态制剂可以明显提高运动员的运动能力。这一研究结果不仅有助于解决运动性胃肠综合征问题,进一步阐明运动性胃肠综合征的发病机制,了解和掌握运动中胃肠功能变化的规律,科学地指导体

育训练,促进我国竞技体育的发展,而且还将为我国全民健身计划的开展实施提供科学的指导依据。

参考文献

- [1] 聂清,薛艳华,王琳,等.佳木斯大学大学生及老年教师正常肠道菌群值的调查[J].黑龙江医药学杂志,2002,25(4):41
- [2] 乔德才,高峰,李海鹏.运动性胃肠综合征的流行病学特征[J].中国临床康复,2005,9(4):166-167
- [3] 乔德才,刘瑾彦,赵立平.运动性胃肠综合征研究现状[J].中国运动医学杂志,2004,23(1):73-75
- [4] 郭本恒.人肠道菌群的生理功能[J].中国乳品工业,2001,29(4):20-22
- [5] 杨景云.肠道菌群与健康-肠道微生物学[M].哈尔滨:黑龙江科技出版社,1991:135
- [6] 乔德才,刘瑾彦,陈敬,等.中长跑运动员胃肠菌群区系结构分布特征的微生态研究[J].中国运动医学杂志,2004,23(6):613-616
- [7] 乔德才,陈敬,魏桂芳,等.采用DNA指纹图谱技术分析中长跑运动员肠道菌群结构特征[J].中国运动医学杂志,2004,23(5):517-521
- [8] Versalovic J, Koeuth T, Lupski JR. Distribution of repetitive DNA sequence in eubacteria and application to fingerprinting of bacterial genomes[J]. Nucleic Acids Res, 1991,19(24):6823-6831
- [9] Falk PG, Hooper LV, Midtvedt T, *et al.* Creating and maintaining the gastrointestinal ecosystem: what we know and need to know from gnotobiology[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 1998,62(4):1157-1170
- [10] Yang SF, Wei K, Zhao X, *et al.* Characterization and biological activity of Taishan Pinus massoniana pollen polysaccharide in vitro[J]. PLOS ONE, 2015(10):e0115638
- [11] 刘志刚,冯海峰,庄俊涛,等.农业院校高水平运动员肠道菌群区系与身体素质的关系探讨[J].山东农业大学学报:自然科学版,2015,46(6):874-879
- [12] Lowry SF. Cytokine mediators of immunity and inflammation[J]. Arch Surg, 1993,128(11):1235-1241
- [13] Mosmann TR, Robert L. Coffman, Heterogeneity of cytokine secretion patterns and functions of helper T cells[J]. Advances in Immunology, 1989(46):111-147
- [14] Torti C, Prosperi M, Motta DS, *et al.* Factors influencing the normalization of CD4+ T-cell count, percentage and CD4+/CD8+ T-cell ratio in HIV-infected patients on long-term suppressive antiretroviral therapy[J]. Clin Microbiol Infect, 2012(18):449-458
- [15] Huang Y, Jiang CM, Hu YL, *et al.* Immunoenhancement effect of rehmanna glutinosa polysaccharide on lymphocyte proliferation and dendritic cell[J]. Carbohydr Polym, 2013(96):516-521
- [16] Olivares-Zavaleta N, Carmody A, Messer R, *et al.* Chlamydia pneumoniae inhibits activated human T lymphocyte proliferation by the induction of apoptotic and pyroptotic pathways[J]. J Immunol, 2011(186):7120-7126
- [17] 刘志刚,冯海峰.运动员肠道乳杆菌分离株对小鼠免疫功能的增强作用[J].山东农业大学学报:自然科学版,2016,47(2):177-180

(上接第 476 页)

繁使用到的大量图形 API 操作是一般人很难接近这个领域。基于上述问题,提出了创建通用计算框架这一解决方案。通用计算框架需要满足适用范围广,不依赖于特定的显卡品牌,使用时不涉及图形学知识的特点。通过与 CPU 普通运算的对比,抽象出了 GPU 通用计算框架应该具有的功能与计算的流程,通过体渲染的实例阐述了框架的使用过程,并通过代码的对比证明了框架具有代码结构清晰,简洁,与图形 API 无关的特点。

参考文献

- [1] Yuan ZY, Si WX, Liao XY, *et al.* Parallel computing of 3D smoking simulation based on OpenCL heterogeneous platform[J]. Journal of Supercomputing, 2012,61(1):84-102
- [2] Wang L, Kaufman A. Importance Driven Automatic Color Design for Direct Volume Rendering [J]. Computer graphics forum, 2012,31(3):1305-1344
- [3] 安吉尔.交互式计算机图形学——基于 OpenGL 的自顶向下方法[M].第 4 版.北京:清华大学出版社,2007
- [4] Slowinski R, Zopounidis C, Dimitras AI. Rough Set Predictor of Business Failure[J]. Soft Computing in Financial Engineering, 2014,5(8):402-424
- [5] 张奇,李珂,刘旭东,等.基于平衡点计算的感应电机端口受控哈密顿控制策略[J].山东大学学报:工学版,2015,45(1):70-75
- [6] 李瑞霞,刘仁金,周先存.基于哈希表的 MapReduce 算法优化[J].山东大学学报:理学版,2015(7):66-70
- [7] 赖特,利普恰克,黑内尔.OpenGL 超级宝典[M].第 5 版.北京:人民邮电出版社,2012
- [8] 张舒,褚艳利.GPU 高性能运算之 CUDA[M].北京:水利水电出版社,2010