

补充复合益生菌对中国式摔跤运动员肠道菌群结构、短链脂肪酸含量与炎症因子浓度的影响

谢婷婷¹, 张梦瑶², 霍腾飞², 李婷婷¹, 齐晨静¹, 王利娟^{1,3}, 孙红梅⁴, 刘海霞⁵, 沙继斌^{4*}

- 1 山东体育学院 研究生教育学院, 山东 济南 250102
- 2 山东体育学院 武术学院, 山东 日照 276826
- 3 昌吉学院 体育与健康学院, 新疆 昌吉 831100
- 4 山东体育学院 运动与健康学院, 山东 济南 250102
- 5 中科宜康(北京)生物科技有限公司, 北京 100176

谢婷婷, 张梦瑶, 霍腾飞, 李婷婷, 齐晨静, 王利娟, 孙红梅, 刘海霞, 沙继斌. 补充复合益生菌对中国式摔跤运动员肠道菌群结构、短链脂肪酸含量与炎症因子浓度的影响[J]. 微生物学报, 2025, 65(1): 196-210.

XIE Tingting, ZHANG Mengyao, HUO Tengfei, LI Tingting, QI Chenjing, WANG Lijuan, SUN Hongmei, LIU Haixia, SHA Jibin. The impact of compound probiotics supplementation on gut microbiota structure, short-chain fatty acids profile, and inflammatory cytokine levels in Chinese wrestlers[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2025, 65(1): 196-210.

摘要:【目的】观察补充复合益生菌对中国式摔跤运动员肠道菌群结构、短链脂肪酸(short chain fatty acids, SCFAs)含量与炎症因子浓度的影响。【方法】招募 18 名山东省体育学院非体育专业在校大学生为对照组, 30 名中国式摔跤运动员作为实验组; 两组受试者均按计划口服复合益生菌 8 周。在复合益生菌干预前、后空腹采集静脉血, 并收集粪便样本。采用酶联免疫吸附法(enzyme-linked immunosorbent assay, ELISA)测定血浆中的炎症因子浓度; 采用 16S rRNA 基因测序技术分析其肠道菌群结构特征, 测定区域为 V3-V4 区; 采用气相色谱-质谱联用(gas chromatography-mass spectrometry, GC-MS)检测粪便中 SCFAs 的含量。【结果】干预前, 中国式摔跤运动员血浆中白细胞介素-1 (interleukin 1, IL-1)、白细胞介素-6 (interleukin 6, IL-6)和 C 反应蛋白(C reactive protein, CRP)浓度均显著低于对照组($P<0.001$, $P<0.01$, $P<0.01$), 白细胞介素 10 (interleukin 10, IL-10)浓度显著高于对照组($P<0.001$); 8 周复合益生菌干预后, 中国式摔跤运动员血浆中 IL-6 和 CRP 浓度均呈进一步显著降低($P<0.01$, $P<0.05$)。干预前, 中国式摔跤运动员肠道菌群中青春双歧杆菌(*Bifidobacterium adolescentis*)的丰度显著高于对照组($P<0.01$); 8 周复合益生菌干预后, 中国式摔跤运动员组柯林斯氏菌属(*Collinsella*)丰度显著增加($P<0.01$), 而栖粪杆菌属

资助项目: 山东省重点研发计划(2019GSF108155)

This work was supported by the Key Research and Development Program of Shandong Province (2019GSF108155).

*Corresponding author. E-mail: shajibin@sdpei.edu.cn

Received: 2024-08-06; Accepted: 2024-10-14; Published online: 2024-10-14

(*Faecalibacterium*)丰度显著降低($P<0.01$); 其肠道菌群 α 多样性显著降低($P<0.01$)。干预前, 中国式摔跤运动员粪便中短链脂肪酸含量与对照组之间未见显著差异; 8 周复合益生菌干预后, 对照组粪便样本中乙酸、丁酸的含量均显著增加($P<0.01$, $P<0.05$), 中国式摔跤运动员粪便样本中乙酸、丁酸的含量均显著增加($P<0.05$)。相关性分析结果提示, 中国式摔跤运动员的青春双歧杆菌丰度与血浆中 IL-10 浓度呈显著正相关($r=0.233$, $P=0.037$); 青春双歧杆菌丰度和产气柯林斯氏菌丰度与血浆中 IL-6 浓度呈显著负相关($r=-0.499$, $P=0.000$; $r=-0.366$, $P=0.001$); 产气柯林斯氏菌丰度与粪便中丁酸含量呈显著正相关($r=0.243$, $P=0.032$)。【结论】中国式摔跤运动员经 8 周复合益生菌干预可有效降低血浆促炎因子浓度, 提高抗炎因子浓度, 提升其肠道菌群中产丁酸菌的丰度, 并使其短链脂肪酸生成增加, 进而可有效提升其机体抗炎能力。

关键词: 中国式摔跤; 肠道菌群; 短链脂肪酸; 炎症因子

The impact of compound probiotics supplementation on gut microbiota structure, short-chain fatty acids profile, and inflammatory cytokine levels in Chinese wrestlers

XIE Tingting¹, ZHANG Mengyao², HUO Tengfei², LI Tingting¹, QI Chenjing¹, WANG Lijuan^{1,3}, SUN Hongmei⁴, LIU Haixia⁵, SHA Jibin^{4*}

1 Graduate School, Shandong Sport University, Jinan 250102, Shandong, China

2 School of Martial Arts, Shandong Sport University, Rizhao 276826 Shandong, China

3 College of Physical Education and Health, Changji University, Changji 831100, Xinjiang, China

4 College of Sports and Health, Shandong Sport University, Jinan 250102, Shandong, China

5 Zhongke Yikang (Beijing) Biotechnology Co., Ltd., Beijing 100176, China

Abstract: [Objective] To observe the effects of supplementing compound probiotics on the structure of gut microbiota, content of short-chain fatty acids (SCFAs), and levels of inflammatory cytokines in Chinese wrestlers. **[Methods]** Eighteen non-sports undergraduates from Shandong Sport University were recruited as a control group, while 30 Chinese wrestlers served as the experimental group. Both groups received oral compound probiotics for 8 weeks. Venous blood and stool samples were collected before and after the intervention. Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was used to measure inflammatory cytokines levels in plasma. The structural characteristics of gut microbiota were analyzed using 16S rRNA gene sequencing of the V3–V4 region, and gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) was employed to determine SCFAs content in stool samples. **[Results]** Prior to the intervention, the experimental group exhibited lower levels of interleukin-1 (IL-1), interleukin-6 (IL-6), and C reactive protein (CRP) ($P<0.001$, $P<0.01$, $P<0.01$), and higher levels of interleukin-10 (IL-10) compared to the control group ($P<0.001$). After 8 weeks of probiotic supplementation, plasma levels of IL-6 and CRP in the Chinese wrestlers further

declined ($P < 0.01$, $P < 0.05$). Before the intervention, the abundance of *Bifidobacterium adolescentis* was higher in Chinese wrestlers than that in the control group ($P < 0.01$). Following 8 weeks of supplementation, Chinese wrestlers showed an increased abundance of *Collinsella* ($P < 0.01$), a decreased abundance of *Faecalibacterium* ($P < 0.01$), and reduced α -diversity in gut microbiota ($P < 0.01$). Prior to the intervention, there was no significant difference in SCFAs content between the two groups. After 8 weeks of intervention with compound probiotics, the content of acetic acid and butyric acid in the stool samples increased in both the control group ($P < 0.01$, $P < 0.05$) and the experimental group ($P < 0.05$). The correlation analysis results indicated a positive correlation between *B. adolescentis* abundance and plasma IL-10 level ($r = 0.233$, $P = 0.037$) and negative correlations of *B. adolescentis* and *C. aerofaciens* abundance with plasma IL-6 level ($r = -0.499$, $P = 0.000$; $r = -0.366$, $P = 0.001$) in Chinese wrestlers. Additionally, there was a positive correlation between *C. aerofaciens* abundance and the butyric acid content in stool samples of Chinese wrestlers ($r = 0.243$, $P = 0.032$). **[Conclusion]** The 8 weeks intervention with compound probiotics effectively reduced pro-inflammatory cytokine levels and increased anti-inflammatory cytokine levels in plasma. Furthermore, it enhanced the abundance of butyric acid-producing bacteria in the gut microbiota, promoting the production of SCFAs, and improving anti-inflammatory capacity.

Keywords: Chinese wrestling; gut microbiota; short-chain fatty acids; inflammatory cytokines

肠道菌群构成了一个极其复杂且高度动态变化的微生态系统，它在宿主的新陈代谢调控中扮演着至关重要的角色^[1]。近年来，运动与肠道菌群之间存在的紧密联系，得到研究者的高度关注^[2]，已有学者尝试提出“运动员微生物组”(athletic microbiome)这一概念。其核心要点在于，运动训练会使运动员的肠道菌群发生特征性的适应性变化^[3]。即不同专项训练会促使运动员形成不同的肠道微生态系统结构特征，而这关键性的差异会受到专项特点、训练量、训练强度、运动时长等多重因素的影响。同时，肠道菌群的这一特征性改变，又可能直接影响到运动员的运动能力与表现。其机制在于运动员肠道菌群所产生的特征性改变，可通过肠道菌群代谢产物(如短链脂肪酸、胆汁酸)的生成，参与调节宿主代谢，从而直接影响运动员的能

量供应。

中国式摔跤是中国传统的体育项目之一，与柔道、相扑、自由式摔跤、古典式摔跤和桑搏并称为“世界六大跤种”。从项目特征来看，中国式摔跤更加注重“以巧制胜”，强调快速、灵活和有效的配合。在训练与比赛过程中，需要运动员达成速度力量、肌肉耐力和爆发力的有效耦合。正是基于这一项目特征，中国式摔跤运动员所承受的专项运动负荷，同样会促使其肠道菌群结构产生特征性的适应改变^[4]，进而可影响运动员的运动能力与表现。

益生菌是在适当剂量下给宿主带来健康益处的活的微生物，其对健康的促进作用已得到广泛的验证^[5]。近年来，有研究者较为系统地分析了补充食物来源的植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*) TWK10 对机体运动能力的影响，研

究首次发现补充植物乳杆菌 TWK10 可有效提升小鼠的运动能力^[5-6]; 进而观察到口服植物乳杆菌 TWK10 可提升健康成年人的有氧耐力^[7], 并可有效增加老年人的肌肉质量^[8]。此外, 在给小鼠补充从举重奥运会冠军肠道中分离得到的长双歧杆菌(*Bifidobacterium longum*) OLP-01 菌株后, 发现小鼠的肌肉力量与抗疲劳能力均显著提升^[9]。这些研究结果提示, 补充功能明确的益生菌能够有效调节宿主的肠道菌群, 进而提升宿主的运动能力及表现。

与单一益生菌相比, 复合益生菌对肠道菌群结构、代谢产物生成和肠道黏膜屏障完整性的影响可能会更为显著。因此, 本研究拟在观察分析中国式摔跤运动员肠道菌群结构特征的基础上。进一步关注补充复合益生菌对其肠道菌群结构与机体代谢所产生的影响, 并对其应答模式所存在的差异进行实证性分析。

1 材料与方法

1.1 研究对象

本研究招募受试者包括对照组 18 人、运动员组 30 人。其中中国式摔跤运动员组均为国家二级及以上运动级别的运动员, 包括运动健将 11 人, 一级运动员 12 人, 二级运动员 7 人, 其中有 1 人为 52 公斤级世界杯冠军, 5 人为全国中国式摔跤比赛冠军, 2 人为全国大学生中国式摔跤比赛冠军。对照组均为山东体育学院非体育专业的在校大学生, 身体健康, 无不良嗜好。受试者的排除标准: (1) 有任何外伤史或感染史; (2) 在实验前 3 个月内或实验期间使用过抗生素和非甾体抗炎药物; (3) 有影响肠道菌群或者身体健康的其他严重疾病或状况。其基本情况如表 1 所示。本研究已得到山东体育学院运动科学伦理委员会的审核批准。所有受试者在实验前均签署了《受试者知情同意书》。

表 1 中国式摔跤运动员组和对照组的基本情况对比

Table 1 Comparison of basic characteristics between the Chinese wrestling athlete group and the control group

Group	Age	Height (m)	Weight (kg)	BMI
Control (n=18)	19.80±1.21	1.76±0.07	64.20±9.37	20.68±1.90
Wrestler (n=30)	20.46±1.50	1.69±0.09	63.32±11.49	22.07±2.68

与对照组相比, 运动员组的年龄、身高、体重、身体质量指数 (body mass index, BMI) 均未见有显著性差异 ($P>0.05$)。

Compared with the control group, there were no significant differences in age, height, weight, or body mass index in the athlete group ($P>0.05$).

1.2 复合益生菌干预方案

本研究使用的混合益生菌冻干粉制剂由某生物科技有限公司提供, 生产批号: SLZY0701D4a03A06, 规格: 2 g/袋。混合益生菌(活菌数 200 亿 CFU/袋)配方: 乳双歧杆菌 HN019、两歧双歧杆菌 Bb06、动物双歧杆菌 BB-12、乳双歧杆菌 Bi07、长双歧杆菌 R175、动物双歧杆菌 B94、鼠李糖乳杆菌 GG、干酪乳杆菌 LC11、瑞士乳杆菌 R52、副干酪乳杆菌 Lpc37、植物乳杆菌 R1012、罗伊氏乳杆菌 HA188、鼠李糖乳杆菌 R11、嗜酸乳杆菌 NCFM、嗜热链球菌 St21。

对照组和中国式摔跤运动员组每天于固定时间服用复合益生菌, 每次 1 袋(2 g), 每日 2 次, 持续服用 8 周。

1.3 血浆中炎症反应相关细胞因子指标测定

运动员组和对照组在补充复合益生菌 8 周后, 清晨通过肘静脉分别采集两组受试者的空腹静脉血, 并将血液置于含乙二胺四乙酸 (ethylenediaminetetra-acetic acid, EDTA) 的采血管中, 经 4 °C、3 500 r/min 离心 5 min 后收集血浆。将离心后收集到的血浆严格按照 ELISA 试

剂盒(武汉伊莱瑞特生物科技股份有限公司)说明书的操作步骤进行,检测样本中的白细胞介素 1 (interleukin 1, IL-1)、白细胞介素 6 (interleukin 6, IL-6)、白细胞介素 10 (interleukin 10, IL-10)和超敏 C 反应蛋白(C reactive protein, CRP)。

1.4 肠道菌群测序和分析

在复合益生菌干预前和复合益生菌干预结束后 24–48 h 内,分别采集两组受试者的粪便样本,用无菌离心管采集 2 管受试者粪便样本,立即放入 -80°C 的低温箱保存备用。送至北京诺禾致源科技股份有限公司进行细菌 16S rRNA 基因测序和生物信息学分析。

按照粪便基因组 RNA 提取试剂盒(Bio-NE 公司)的操作方法,提取合格的 DNA。对检测合格的 DNA 样品进行粪便细菌 16S rRNA 基因的 V3–V4 区进行 PCR 扩增,所用引物为 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3') 和 515R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')。PCR 反应体系(15 μL): Phusion[®] High-Fidelity PCR Master Mix [纽英伦生物技术(北京)有限公司] 15 μL , 上、下游引物(0.02 $\mu\text{mol/L}$)各 1 μL , 基因组 DNA 模板 10 ng。PCR 反应条件: 98°C 预变性 1 min; 98°C 变性 10 s, 50°C 退火 30 s, 72°C 延伸 30 s, 进行 30 次循环; 72°C 保持 5 min 进行终延伸。PCR 反应结束后,使用 2%的琼脂糖凝胶电泳检测产物,并对合格的 PCR 产物进行磁珠纯化,收集纯化的 PCR 产物。随后,进行文库构建,并使用 Qubit 和 qPCR 方法对构建好的文库进行定量,文库合格后,使用 Illumina NovaSeq 6000 进行 PE250 上机测序。

1.5 粪便样本中短链脂肪酸含量分析

准确称量短链脂肪酸(short chains fatty acids, SCFAs),包括乙酸、丙酸、丁酸、异丁酸、戊酸、异戊酸、己酸标准品,用乙醚配置成 0.05、0.01、0.05、1、5、10、25、50、100、

250 $\mu\text{g/mL}$ 等 10 个混合标准浓度梯度。实验过程中,取粪便 100 mg,首先加入 100 μL 15%磷酸,再加 50 $\mu\text{g/mL}$ 的内标(异己酸)溶液 100 μL 和乙醚 400 μL 匀浆 1 min,于 4°C 、12 000 r/min 离心 10 min 后,取上清上机测试。气相色谱质谱联用(gas chromatography-mass spectrometry, GC-MS)测序程序:选用亲水性相互作用液相色谱-蜡质(hydrophilic interaction liquid chromatography-wax, HP-INNOWAX)毛细管柱(30 m \times 0.25 mm, 0.25 μm);分流进样,进样量 1 μL ,分流比 10:1。进样口温度 250°C ;离子源温度 230°C ;传输线温度 250°C ,四级杆温度 150°C 。程序升温起始温度 90°C ;然后再以 $10^{\circ}\text{C}/\text{min}$ 升温至 120°C ;再以 $5^{\circ}\text{C}/\text{min}$ 升温至 150°C ;最后以 $25^{\circ}\text{C}/\text{min}$ 升温至 250°C 维持 2 min。载气为氮气,载气流速 1.0 mL/min。质谱(mass spectrometry, MS)条件:电子轰击电离(electron ionization, EI)源,全扫及选择离子监测(selected ion monitoring, SIM)扫描方式,电子能量 70 eV。上述实验内容由苏州帕诺米克生物科技股份有限公司协助完成。

1.6 统计学分析

使用 SPSS 20.0 统计学软件进行数据统计分析,数据以 mean \pm SD 表示,当数据满足正态分布时,组内采用配对 t 检验进行统计分析,组间采用两独立样本 t 检验进行统计分析;当数据不满足正态分布时,采用秩和检验进行统计分析,显著性水平设为 $P<0.05$ 。实验所得数据使用 GraphPad Prism 9.0 进行制图。

2 结果与分析

2.1 复合益生菌干预对中国式摔跤运动员血浆炎性因子浓度的影响

如图 1 所示,干预前,运动员组血浆中 IL-1、IL-6、CRP 的水平显著低于对照组($P<0.001$, $P<0.01$, $P<0.01$), IL-10 的水平显著高于对照组

($P < 0.001$); 8 周复合益生菌干预后, 两组的组内比较发现, 运动员组和对照组 IL-6 和 CRP 水平均显著下降($P < 0.01$, $P < 0.05$); 两组的组间比较发现, 运动员组的 IL-1 和 CRP 均显著低于对照组($P < 0.01$, $P < 0.001$), IL-10 水平显著高于对照组($P < 0.001$)。

2.2 补充复合益生菌对中国式摔跤运动员肠道菌群的影响

2.2.1 补充复合益生菌对中国式摔跤运动员肠道菌群 α 多样性的影响

如图 2 所示, 通过对 ACE 指数、Chao1 指

数、Shannon 指数和 Simpson 指数的比对发现, 干预前, 运动员组与对照组的 α 多样性无显著差异; 8 周复合益生菌干预后, 两组的组间比较无显著差异; 两组的组内比较发现, α 多样性均呈现显著下降的趋势($P < 0.01$, $P < 0.05$)。

2.2.2 补充复合益生菌对中国式摔跤运动员肠道菌群 β 多样性的影响

如图 3 所示, 对于干预前、后的对照组和运动员组的肠道菌群进行主成分分析(principal components analysis, PCA)和主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA)。结果显示, 经过 8 周

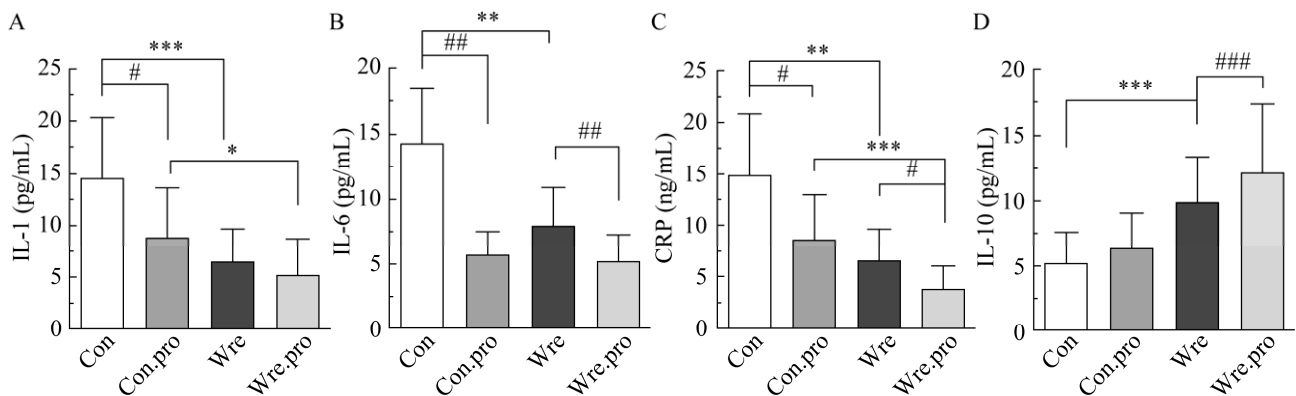


图 1 八周复合益生菌干预前、后运动员组和对照组血浆炎症因子浓度的变化

Figure 1 Changes in plasma inflammatory factors in the athlete and control groups before and after 8 weeks of compound probiotic intervention. Con: Controls; Con.pro: Controls after 8 weeks probiotics intervention; Wre: Wrestlers; Wre.pro: Wrestlers after 8 weeks probiotics intervention. #: $P < 0.05$, ##: $P < 0.01$, ###: $P < 0.001$, intragroup comparison; *: $P < 0.05$, **: $P < 0.01$, ***: $P < 0.001$, intergroup comparison.

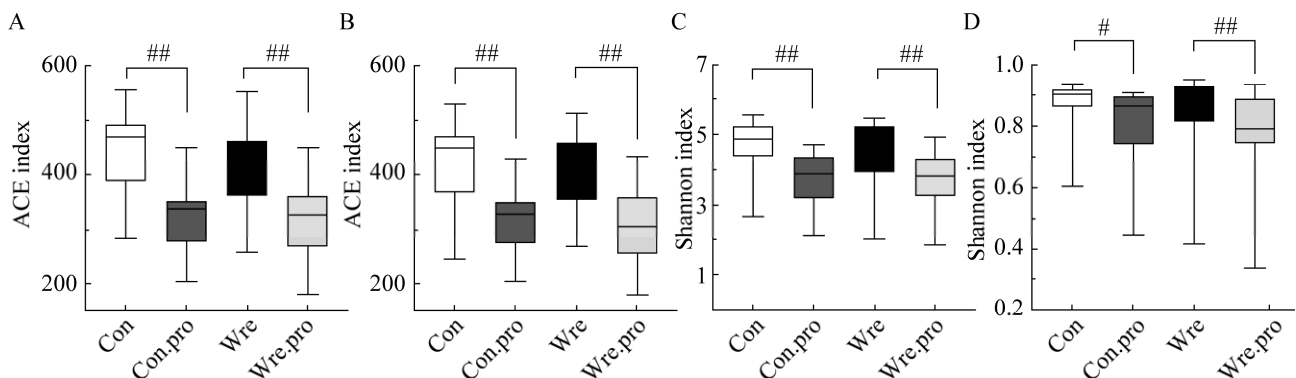


图 2 八周复合益生菌干预前、后运动员肠道菌群 α 多样性变化

Figure 2 Changes in gut microbiota alpha diversity of athletes before and after 8 weeks of compound probiotic intervention. Con: Controls; Con.pro: Controls after 8 weeks probiotics intervention; Wre: Wrestlers; Wre.pro: Wrestlers after 8 weeks probiotics intervention. #: $P < 0.05$, ##: $P < 0.01$, intragroup comparison.

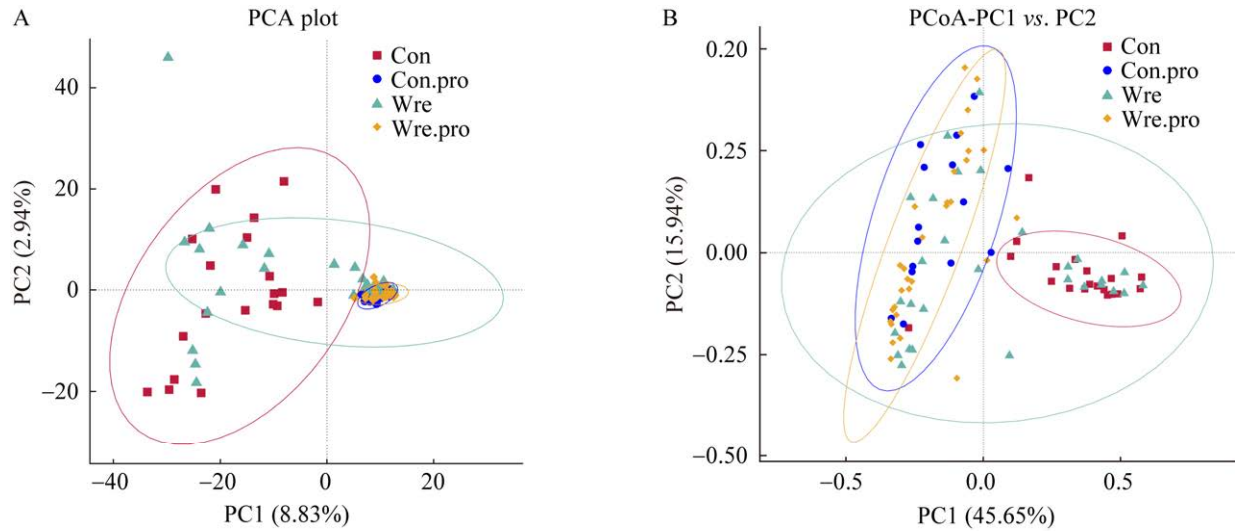


图3 八周复合益生菌干预前、后运动员肠道菌群 β 多样性变化

Figure 3 Changes in gut microbiota beta diversity of athletes before and after 8 weeks of compound probiotic intervention. Con: Controls; Con.pro: Controls after 8 weeks probiotics intervention; Wre: Wrestlers; Wre.pro: Wrestlers after 8 weeks probiotics intervention.

复合益生菌干预后,通过两组的组内比较发现,对照组组内距离有较大差距,运动员组的组内距离有更集中的趋势;组间比较发现,运动员组与对照组的多样性趋于相似。上述结果提示复合益生菌干预可影响运动员肠道菌群的组成。

2.3 补充复合益生菌对中国式摔跤运动员菌属水平结构成分丰度的影响

如图4所示,干预前,运动员组双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)和布劳特氏菌属(*Blautia*)丰度显著高于对照组($P<0.05$, $P<0.01$),运动员组的栖粪杆菌属(*Faecalibacterium*)显著低于对照组($P<0.01$);8周复合益生菌干预后,两组的组内比较运动员组和对照组柯林斯氏菌属(*Collinsella*)丰度显著增加($P<0.01$),两组的栖粪杆菌属丰度则显著降低($P<0.01$)。

2.4 补充复合益生菌对中国式摔跤运动员菌种水平结构成分丰度的影响

如图5所示,干预前,运动员组的青春双歧杆菌(*Bifidobacterium adolescentis*)显著高于对照组($P<0.01$);8周复合益生菌干预后,两组

的组内比较显示,运动员组和对照组的青春双歧杆菌和产气柯林斯氏菌(*Collinsella aerofaciens*)的丰度均进一步显著增加($P<0.001$, $P<0.05$)。

2.5 补充复合益生菌对中国式摔跤运动员短链脂肪酸含量的影响

如图6所示,干预前,运动员组与对照组SCFAs浓度无显著差异;8周复合益生菌干预后,两组组内比较对照组($P<0.01$, $P<0.05$)和运动员组($P<0.05$, $P<0.05$)的乙酸、丁酸浓度均显著增加。对照组的丙酸、戊酸和己酸有上升趋势但无明显差异。

2.6 中国式摔跤运动员肠道菌群结构成分与血浆炎症因子浓度的相关性分析

如图7所示,短乳杆菌(*Lactobacillus brevis*)、青春双歧杆菌、柏之叶双歧杆菌(*Bifidobacterium kashiwanohense*)与IL-10呈显著正相关($r=0.360$, $P=0.001$; $r=0.233$, $P=0.037$; $r=0.221$, $P=0.049$);肺炎克雷伯氏菌(*Klebsiella pneumoniae*)与IL-10呈显著负相关($r=-0.264$, $P=0.018$),青春双歧杆菌、两歧双歧杆菌

(*Bifidobacterium bifidum*)、产气柯林斯氏菌、戊糖乳杆菌(*Lactobacillus pentosus*)、短乳杆菌、

柏之叶双歧杆菌与 IL-6 呈显著负相关($r=-0.499$, $P=0.000$; $r=-0.416$, $P=0.000$; $r=-0.366$,

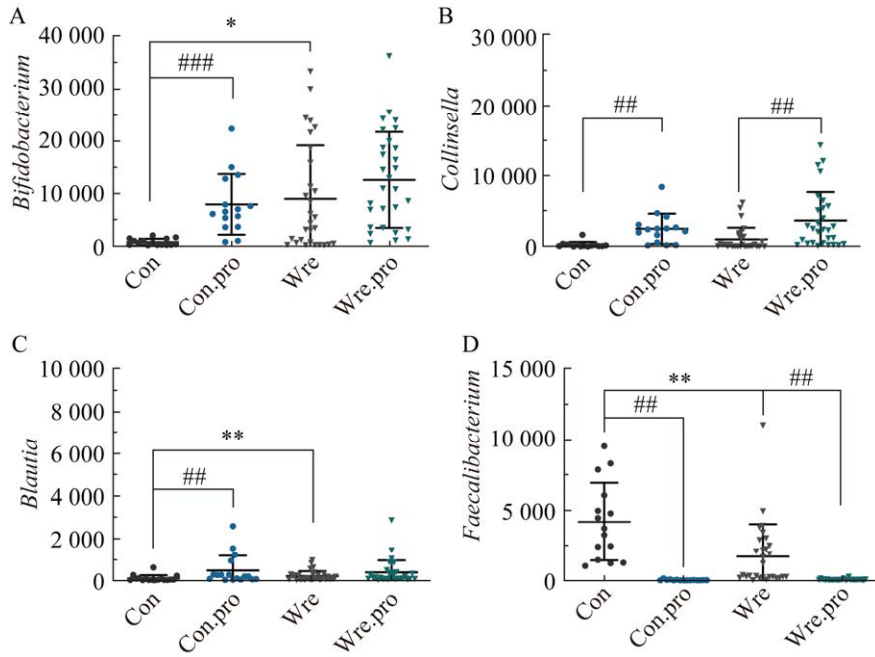


图 4 八周复合益生菌干预前、后不同组别有差异菌属的丰度变化

Figure 4 Changes in the abundance of differential genera in different groups before and after 8 weeks of compound probiotic intervention. Con: Controls; Con.pro: Controls after 8 weeks probiotics intervention; Wre: Wrestlers; Wre.pro: Wrestlers after 8 weeks probiotics intervention. ##: $P < 0.01$, ###: $P < 0.001$, intragroup comparison; *: $P < 0.05$, **: $P < 0.01$, intergroup comparison.

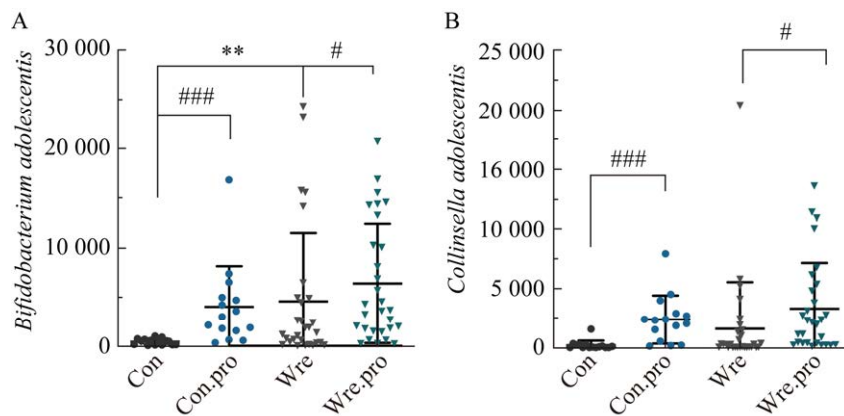


图 5 八周复合益生菌干预前、后不同组别有差异菌种的丰度变化

Figure 5 Changes in the abundance of differential species in different groups before and after 8 weeks of compound probiotic intervention. Con: Controls; Con.pro: Controls after 8 weeks probiotics intervention; Wre: Wrestlers; Wre.pro: Wrestlers after 8 weeks probiotics intervention. #: $P < 0.05$, ###: $P < 0.001$, intragroup comparison; *: $P < 0.05$, **: $P < 0.01$, intergroup comparison.

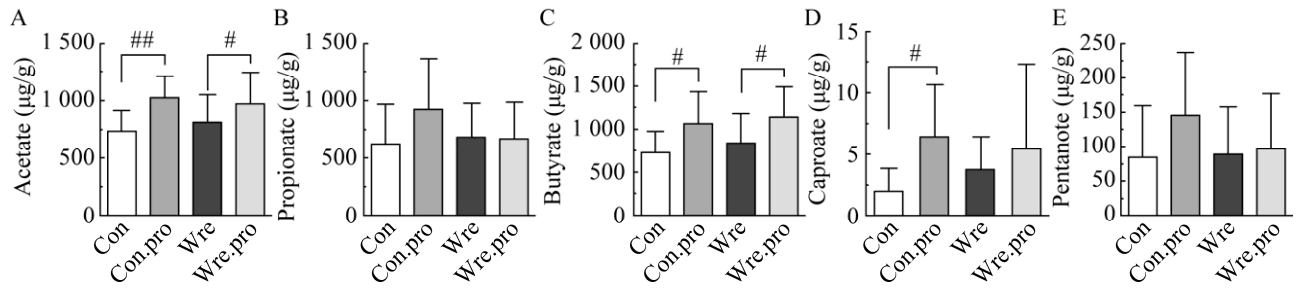


图 6 八周复合益生菌干预前、后不同组别受试者粪便样品中短链脂肪酸含量变化

Figure 6 Changes in short-chain fatty acids content in fecal samples of subjects from different groups before and after 8 weeks of compound probiotic intervention. Con: Controls; Con.pro: Controls after 8 weeks probiotics intervention; Wre: Wrestlers; Wre.pro: Wrestlers after 8 weeks probiotics intervention. #: $P < 0.05$, ##: $P < 0.01$, intragroup comparison.

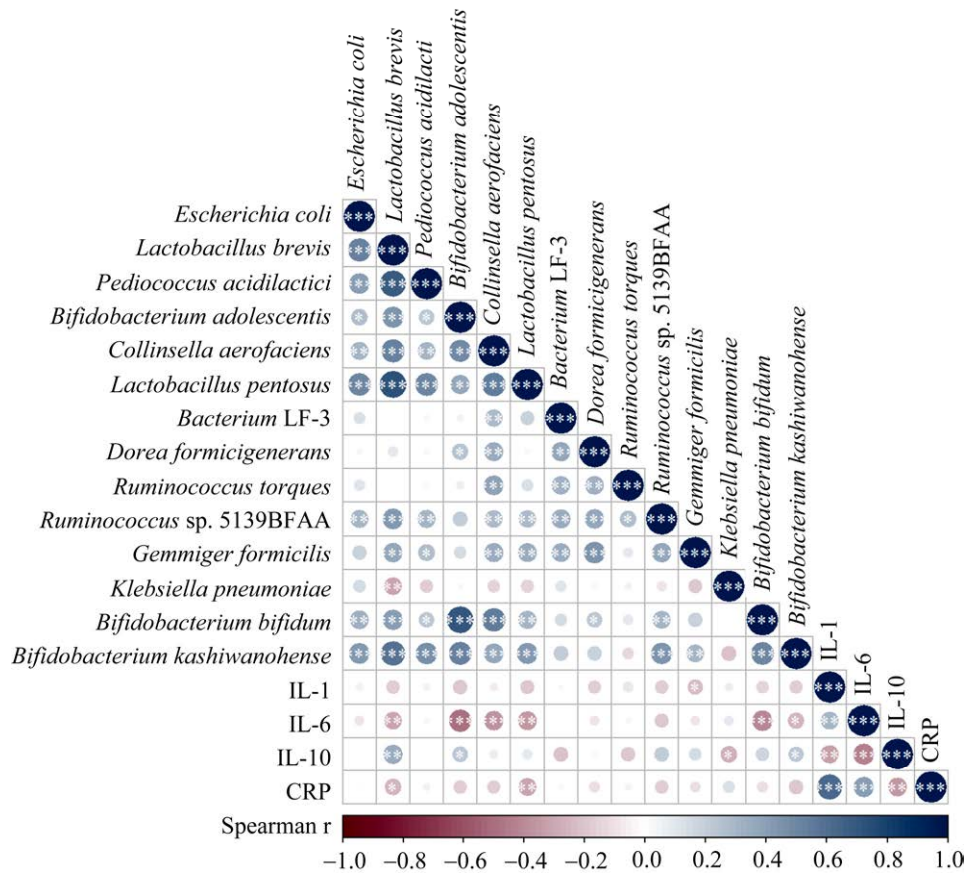


图 7 菌种水平有显著差异的肠道菌群结构成分丰度与血浆炎症因子浓度的相关性分析结果

Figure 7 Correlation analysis results between the abundance of gut microbiota components at the species level and plasma inflammatory factor concentrations. *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$; ***: $P < 0.001$.

$P=0.001$; $r=-0.351$, $P=0.001$; $r=-0.302$, $P=0.006$; $r=-0.256$, $P=0.022$), 戊糖乳杆菌、短乳杆菌与 CRP 呈显著负相关($r=-0.305$, $P=0.006$; $r=-0.259$, $P=0.020$), 甲酸芽植菌与

IL-1 呈显著负相关($r=-0.222$, $P=0.048$)。

2.7 中国式摔跤运动员肠道菌群结构成分与 SCFAs 含量的相关性分析

如图 8 所示, 青春双歧杆菌、产气柯林斯

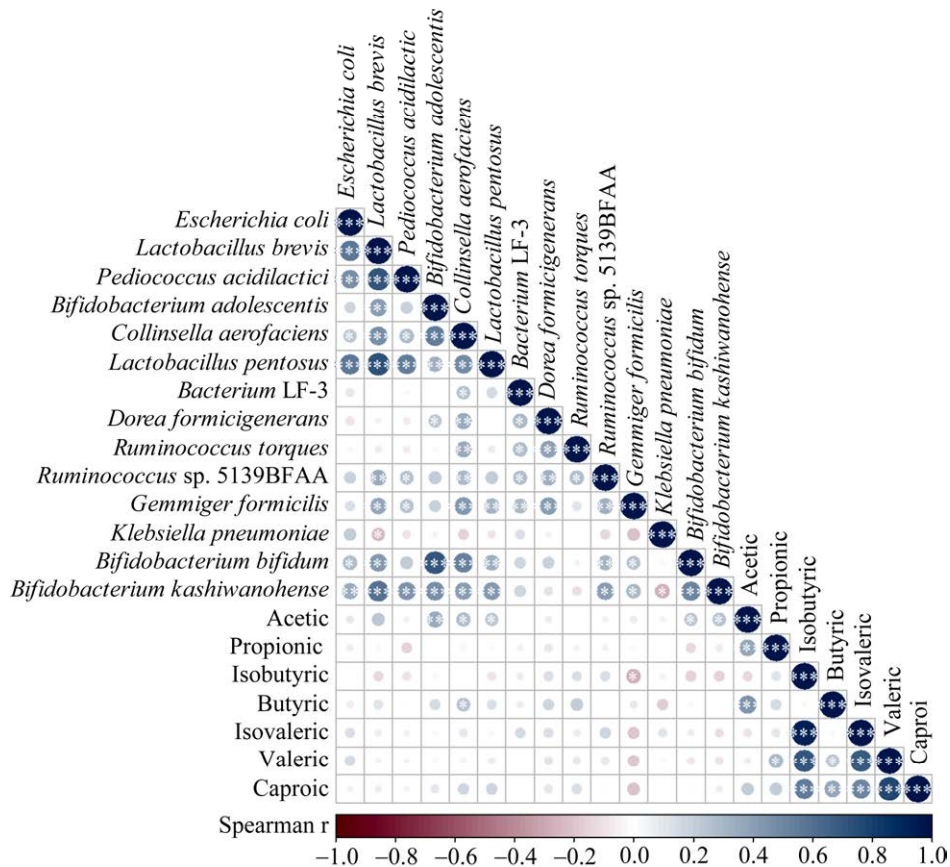


图 8 菌种水平有显著差异的肠道菌群结构成分丰度与粪便短链脂肪酸含量的相关性分析结果
Figure 8 Correlation analysis results between the abundance of gut microbiota components at the species level and fecal short-chain fatty acids content. *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$; ***: $P < 0.001$.

氏菌、柏之叶双歧杆菌、戊糖乳杆菌、两歧双歧杆菌与乙酸呈显著正相关($r=0.353, P=0.002$; $r=0.272, P=0.016$; $r=0.241, P=0.033$; $r=0.230, P=0.043$; $r=0.229, P=0.044$), 产气柯林斯氏菌与丁酸呈显著正相关($r=0.243, P=0.032$); 甲酸芽殖菌与异丁酸呈显著负相关($r=-0.279, P=0.013$)。

3 讨论

3.1 八周复合益生菌干预对中国式摔跤运动员机体炎性因子浓度的影响

中国式摔跤运动的生理特点决定了其对运动员身体素质的高要求, 因此需要运动员具备

较强的无氧耐力和高强度的肌肉力量需求。在剧烈运动和比赛后, 运动员体内的炎症细胞因子水平显著上升^[10], 引发不同程度的炎症反应。其中, IL-1、IL-6 和 CRP 是人体重要的炎症介质^[11], 在长时间运动后, IL-1 水平随着疲劳程度波动。相比之下, 骨骼肌的剧烈收缩则会诱导机体释放 IL-6, 后者作为 CRP 的调节因子, 通过与肝细胞受体结合刺激 CRP 合成, 从而增强宿主免疫应答。同时, IL-6 还能促进 TNF- α 、IL-1 β 等促炎因子的表达, 进一步加剧炎症反应^[12]。然而, IL-6 的上调也会诱导机体分泌 IL-10, 两者相互调节, 保持动态平衡。IL-10 作为重要的抗炎因子, 能有效抑制多种促炎细胞因子, 如

TNF- α 、IL-1、IL-6 和 IL-12，同时调节免疫细胞活性，减轻炎症反应，防止组织过度损伤。本研究结果显示，补充复合益生菌 8 周后，运动员组的 IL-6 和 CRP 水平相较于干预前显著降低。与对照组相比，经过复合益生菌干预后，运动员组的 IL-1 和 CRP 水平显著低于对照组，而 IL-10 的水平则显著升高。Thongprayoon 等^[13]研究表明，在经过益生菌干预后，运动员组炎症因子的水平显著下降，这说明补充复合益生菌能够显著降低 IL-6 和 CRP 水平。在多囊卵巢综合征人群中，为期 12 周的益生菌干预能够有效下调机体的 IL-6 和 CRP 水平^[14]。另外一项随机对照的益生菌干预试验发现，进行益生菌干预的两组乳杆菌属(*Lactobacillus*)丰度显著提高，并伴随肠道炎症反应的减少^[15]。因此，补充复合益生菌能够有效降低运动员体内的促炎因子，显著缓解运动引发的炎症反应，同时促进抗炎因子 IL-10 的释放，从而帮助维持炎症与抗炎的平衡，对改善运动员机体的炎症反应具有积极作用。

3.2 八周复合益生菌干预对中国式摔跤运动员肠道菌群结构的影响

本研究表明，补充复合益生菌后，运动员组的肠道菌群 α 多样性显著下降，而 β 多样性则与对照组更为接近。类似的现象也在绝经后肥胖女性接受复合益生菌干预的研究中被观察到^[16]，其中 α 多样性同样呈现出下降趋势。此外，一项关于儿童和青少年肥胖的研究也发现，益生菌组的 α 多样性在干预后也有所下降^[17]。这些变化可能是由于肠道菌群的竞争抑制机制，即益生菌通过特定菌种的增殖和竞争抑制了其他菌群的生长，使肠道内的原生菌群减少和总体菌群丰富度的降低，也可能是由于益生菌的补充导致特定菌群的增加，从而减少了整体的物种多样性。

本研究结果显示，在 8 周复合益生菌干预前，运动员组双歧杆菌属和布劳特氏菌属丰度显著高于对照组($P < 0.05$, $P < 0.01$)，运动员组栖粪杆菌属丰度显著低于对照组($P < 0.01$)。这与一项针对久坐(sedentary, SET)与体力活动频繁(active, ACT)女性的肠道菌群差异研究结果相吻合^[18]，该研究发现 ACT 组双歧杆菌属和乳酸杆菌属丰度显著高于 SET 组。这表明运动员长期高强度训练可能导致肠道微环境发生变化，运动训练作为影响肠道菌群结构的独立因素可直接影响肠道菌群的结构特征，不同运动专项运动员的肠道菌群结构有着显著差异。8 周复合益生菌干预后，组内比较发现运动员组和对照组柯林斯氏菌属丰度显著增加($P < 0.01$)，而两组的栖粪杆菌属丰度则显著降低($P < 0.01$)。Przewłócka 等^[19]通过对综合格斗运动员为期 4 周的益生菌和维生素 D₃ 联合干预发现，联合干预组的柯林斯氏菌属丰度增加，肠道上皮细胞的通透性得到改善，运动中的耐力时间也延长。另外，一项对健康人群的益生菌干预研究也表明，柯林斯氏菌属的丰度显著增加，同时其他产生 SCFAs 的菌群，如布劳特氏菌属和梭状链杆菌属等也有所增加，但并未观察到栖粪杆菌属有显著增加^[20]。柯林斯氏菌属能够发酵膳食纤维，产生 SCFAs 如丁酸来维持肠道屏障功能^[21]，此外柯林斯氏菌属具有良好的抗炎和免疫调节作用^[22-23]，在宿主能量代谢中发挥着重要的作用。这提示复合益生菌干预能够显著改变肠道菌群的结构特征，促进特定有益菌(如柯林斯氏菌)丰度增加，导致栖粪杆菌丰度减少。本研究进一步发现，在运动员组中，复合益生菌干预后青春双歧杆菌和产气柯林斯氏菌的丰度均存在显著差异。这些结果表明，复合益生菌干预能够显著改变肠道菌群的结构特征，促进特定有益菌丰度的增加。

3.3 八周复合益生菌干预对中国式摔跤运动员粪便短链脂肪酸含量的影响

肠道菌群的代谢产物 SCFAs 与益生菌之间存在着密切的关系, 研究显示通过 8 周的益生菌补充, 能够显著促进滑雪运动员 SCFAs 的生成, 同时胆汁酸的合成受到抑制, 从而对运动表现产生积极影响^[24]; 在最近的一项针对 200 例功能性消化不良的患者进行的益生菌干预实验中^[25], 也发现高剂量益生菌组产生的 SCFAs 含量明显高于其他三组, 并且能够有效改善患者的功能性消化不良。此外, 一项来自小鼠的研究指出^[26], 口服益生菌能够增加肠道中丁酸的生成, 促使调节性 T 细胞增多, 进而促进年轻小鼠的骨生成。通过职业运动员和久坐不动人群之间的肠道微生物群比较研究发现^[27], 职业运动员组的肠道菌群在功能代谢水平上更加活跃, 能够能有效地分解和利用膳食中的碳水化合物、蛋白质等营养物质, 生成 SCFAs 等代谢物。本研究同样观察到, 经过 8 周复合益生菌干预, 运动员体内的乙酸和丁酸的浓度显著增加, 这表明复合益生菌的补充对运动员的 SCFAs 水平和运动表现具有积极的作用。

3.4 中国式摔跤运动员肠道菌群结构成分、短链脂肪酸含量及炎性因子浓度的相关性分析

秦盼盼等^[23]从人肠道中分离得到的产气柯林斯氏菌能够产生丁酸, 并有效减轻炎症性疾病。多项研究已证实, 产气柯林斯氏菌与代谢综合征^[28]、2 型糖尿病^[29]及自身免疫性疾病^[30]之间存在密切的联系。丁酸作为一种重要的代谢产物, 能够通过抑制 NF- κ B 活性, 减少 IL-6 的表达, 有效减轻机体的炎症反应^[31]; 此外, 丁酸还能与 G 蛋白偶联受体(如 GPR41、GPR43)结合, 触发抗炎信号传导, 进一步抑制 IL-6 的释放^[32]。本研究经过 8 周复合益生菌干预后,

相关性分析结果显示, 产气柯林斯氏菌与乙酸和丁酸呈显著正相关, 与 IL-6 呈显著负相关, 这表明复合益生菌干预能够促进 SCFAs 的生成, 进而降低 IL-6 水平, 减轻机体炎症反应。另一方面, 青春双歧杆菌与 IL-10 呈显著正相关, 而与 IL-6 的水平呈显著负相关。青春双歧杆菌通过与肠道免疫细胞的 Toll 样受体 2 和 Toll 样受体 4 相互作用, 激活抗炎信号通路, 诱导 IL-10 的表达, 并同时抑制 IL-6 的释放^[33]; 此外, 青春双歧杆菌能够通过抑制 NF- κ B 活性, 进一步减少 IL-6 的表达, 而 IL-10 则能进一步增强抗炎反应^[34]。这表明复合益生菌干预能够增加青春双歧杆菌的含量, 从而促进 IL-10 的产生, 并抑制 IL-6 的释放, 具有显著的抗炎作用。有研究者观察到, 在胶原诱导关节炎模型中, 早期补充青春双歧杆菌能够提升大鼠体内 SCFAs 的浓度, 并调控促炎/抗炎反应平衡^[35]。此外, 在修复骨折引起的全身性炎症时, 补充青春双歧杆菌能够更好地抑制骨折后的全身性炎症反应, 从而增强肠道黏膜完整性^[36]。综上所述, 产气柯林斯氏菌和青春双歧杆菌在肠道微生物群中具有重要的调节作用。产气柯林斯氏菌通过产生丁酸来降低促炎因子浓度, 而青春双歧杆菌不仅能增强机体免疫功能, 还在抗炎和修复炎症性疾病中展现关键的作用。

在对女子竞走运动员进行冬季训练的研究进行深入分析发现, 她们体内的普氏栖粪杆菌 (*Faecalibacterium prausnitzii*) 和副流感嗜血杆菌 (*Haemophilus parainfluenzae*) 的丰度相较于冬训前显著提升^[37]。鉴于运动训练是影响肠道菌群的结构和多样性的重要因素之一^[38], 在本研究中, 运动员所经历的高强度训练可能引发肠道环境的变化。在此过程中, 复合益生菌的介入可能进一步强化了这种选择性环境, 使得如产气柯林斯氏菌和青春双歧杆菌等特定菌群

占据主导地位, 而其他菌群的丰度相应减少, 从而导致 α 多样性下降。然而, 这种干预未必是负面的, 可能使运动员的肠道菌群结构更加稳定。通过产气柯林斯氏菌和青春双歧杆菌的发酵作用, 增加乙酸和丁酸的生成, 这些 SCFAs 不仅为肠道细胞提供必要的能量, 还起到了调节肠道屏障功能, 降低通透性的作用, 有助于降低促炎因子的水平。此外, 在本研究中通过检测干预前运动员组与对照组的肠道菌群, 发现双歧杆菌和布劳特氏菌的丰度显著高于对照组, 这提示我们运动训练可能促使运动员的肠道菌群产生了适应性改变。因此, 复合益生菌干预可能有助于运动员在高强度训练后的快速恢复, 调控炎症因子水平, 提升整体健康状况和运动表现。

4 结论

本研究观察到 8 周复合益生菌干预后, 中国式摔跤运动员血浆中 IL-6 和 CRP 浓度均显著降低, IL-10 浓度显著升高; 中国式摔跤运动员肠道菌群中的青春双歧杆菌与产气柯林斯氏菌丰度上升尤为显著, 并与粪便中乙酸、丁酸含量及其血浆中炎症因子浓度呈显著相关关系。上述结果提示补充复合益生菌可使运动员肠道菌群结构发生明显改变, 增加短链脂肪酸的产生, 并有效调控其血浆炎症因子浓度的变化。

作者贡献声明

谢婷婷: 参与样本采集、指标测试、数据分析, 完成初稿撰写及后续修改; 张梦瑶、霍腾飞: 组织招募受试者, 监督复合益生菌干预的实施; 齐晨静、李婷婷、王利娟: 参与样本采集、指标测试、数据分析与作图; 孙红梅: 参与实验设计、受试者招募; 刘海霞: 提供复合益生菌, 并给予相关建议; 沙继斌: 实验设计与组织测试实施, 指导完成文章修改。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] LARSEN OFA, CLAASSEN E. The mechanistic link between health and gut microbiota diversity[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 2183.
- [2] FONTANA F, LONGHI G, TARRACCHINI C, MANCABELLI L, LUGLI GA, ALESSANDRI G, TURRONI F, MILANI C, VENTURA M. The human gut microbiome of athletes: metagenomic and metabolic insights[J]. *Microbiome*, 2023, 11(1): 27.
- [3] MOHR AE, JÄGER R, CARPENTER KC, KERKSICK CM, PURPURA M, TOWNSEND JR, WEST NP, BLACK K, GLEESON M, PYNE DB, WELLS SD, ARENT SM, KREIDER RB, CAMPBELL BI, BANNOCK L, SCHEIMAN J, WISSENT CJ, PANE M, KALMAN DS, PUGH JN, et al. The athletic gut microbiota[J]. *Journal of the International Society of Sports Nutrition*, 2020, 17(1): 24.
- [4] LI YX, CHENG MY, ZHA YG, YANG K, TONG YG, WANG S, LU QW, NING K. Gut microbiota and inflammation patterns for specialized athletes: a multi-cohort study across different types of sports[J]. *mSystems*, 2023, 8(4): e0025923.
- [5] TRUSHINA EN, RIGER NA, MUSTAFINA OK, TIMONIN AN, SOLNTSEVA TN, ZILOVA IS, KOBELKOVA IV, NIKITYUK DB. Multi-strain probiotic combined with dietary fiber is an effective factor in the nutritional support of immunity in athletes[J]. *Voprosy Pitaniia*, 2024, 93(2): 19-30.
- [6] CHEN YM, WEI L, CHIU YS, HSU YJ, TSAI TY, WANG MF, HUANG CC. *Lactobacillus plantarum* TWK10 supplementation improves exercise performance and increases muscle mass in mice[J]. *Nutrients*, 2016, 8(4): 205.
- [7] HUANG WC, HSU YJ, LI HS, KAN NW, CHEN YM, LIN JS, HSU TK, TSAI TY, CHIU YS, HUANG CC. Effect of *Lactobacillus plantarum* TWK10 on improving endurance performance in humans[J]. *The Chinese Journal of Physiology*, 2018, 61(3): 163-170.
- [8] LEE MC, TU YT, LEE CC, TSAI SC, HSU HY, TSAI TY, LIU TH, YOUNG SL, LIN JS, HUANG CC. *Lactobacillus plantarum* TWK10 improves muscle mass and functional performance in frail older adults: a randomized, double-blind clinical trial[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(7): 1466.
- [9] LEE MC, HSU YJ, CHUANG HL, HSIEH PS, HO HH, CHEN WL, CHIU YS, HUANG CC. *In vivo* ergogenic properties of the *Bifidobacterium longum* OLP-01 isolated from a weightlifting gold medalist[J]. *Nutrients*, 2019, 11(9): 2003.

- [10] PUGH JN, SPARKS AS, DORAN DA, FLEMING SC, LANGAN-EVANS C, KIRK B, FEARN R, MORTON JP, CLOSE GL. Four weeks of probiotic supplementation reduces GI symptoms during a marathon race[J]. *European Journal of Applied Physiology*, 2019, 119(7): 1491-1501.
- [11] GUO YQ, QIAN HN, XIN XY, LIU QL. Effects of different exercise modalities on inflammatory markers in the obese and overweight populations: unraveling the mystery of exercise and inflammation[J]. *Frontiers in Physiology*, 2024, 15: 1405094.
- [12] SCHELLER J, CHALARIS A, SCHMIDT-ARRAS D, ROSE-JOHN S. The pro- and anti-inflammatory properties of the cytokine interleukin-6[J]. *Biochim Biophys Acta*, 2011, 1813(5): 878-88.
- [13] THONGPRAYOON C, KAEWPUT W, HATCH ST, BATHINI T, SHARMA K, WIJARNPREECHA K, UNGPRASERT P, D'COSTA M, MAO MA, CHEUNGASITPORN W. Effects of probiotics on inflammation and uremic toxins among patients on dialysis: a systematic review and meta-analysis[J]. *Digestive Diseases and Sciences*, 2019, 64(2): 469-479.
- [14] JAMILIAN M, MANSURY S, BAHMANI F, HEIDAR Z, AMIRANI E, ASEMI Z. The effects of probiotic and selenium co-supplementation on parameters of mental health, hormonal profiles, and biomarkers of inflammation and oxidative stress in women with polycystic ovary syndrome[J]. *Journal of Ovarian Research*, 2018, 11(1): 80.
- [15] MIKULIC N, UYOGA MA, STOFFEL NU, DERRIEN M, NYILIMA S, KOSTOPOULOS I, ROESELERS G, CHENOLL E, MWASI E, PIRONACI G, KARANJA S, BOURDET-SICARD R, ZIMMERMANN MB. Prebiotics increase iron absorption and reduce the adverse effects of iron on the gut microbiome and inflammation: a randomized controlled trial using iron stable isotopes in Kenyan infants[J]. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 2024, 119(2): 456-469.
- [16] KACZMARCZYK M, SZULIŃSKA M, ŁONIEWSKI I, KRĘGIELSKA-NAROŻNA M, SKONIECZNA-ŻYDECKA K, KOSCIOLEK T, BEZSHAPKIN V, BOGDAŃSKI P. Treatment with multi-species probiotics changes the functions, not the composition of gut microbiota in postmenopausal women with obesity: a randomized, double-blind, placebo-controlled study[J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2022, 12: 815798.
- [17] KILIC YILDIRIM G, DINLEYICI M, VANDENPLAS Y, DINLEYICI EC. Effects of synbiotic supplementation on intestinal microbiota composition in children and adolescents with exogenous obesity: (Probesity-2 trial)[J]. *Gut Pathogens*, 2023, 15(1): 36.
- [18] BRESSA C, BAILÉN-ANDRINO M, PÉREZ-SANTIAGO J, GONZÁLEZ-SOLTERO R, PÉREZ M, MONTALVO-LOMINCHAR MG, MATÉ-MUÑOZ JL, DOMÍNGUEZ R, MORENO D, LARROSA M. Differences in gut microbiota profile between women with active lifestyle and sedentary women[J]. *PLoS One*, 2017, 12(2): e0171352.
- [19] PRZEWŁÓCKA K, FOLWARSKI M, KACZMARCZYK M, SKONIECZNA-ŻYDECKA K, PALMA J, BYTOWSKA ZK, KUJACH S, KACZOR JJ. Combined probiotics with vitamin D₃ supplementation improved aerobic performance and gut microbiome composition in mixed martial arts athletes[J]. *Frontiers in Nutrition*, 2023, 10: 1256226.
- [20] GRYAZNOVA M, SMIRNOVA Y, BURAKOVA I, SYROMYATNIKOV M, CHIZHKOV P, POPOV E, POPOV V. Changes in the human gut microbiome caused by the short-term impact of lactic acid bacteria consumption in healthy people[J]. *Probiotics and Antimicrobial Proteins*, 2024, 16(4): 1240-1250.
- [21] CANCELLO R, TURRONI S, RAMPPELLI S, CATTALDO S, CANDELA M, CATTANI L, MAI S, VIETTI R, SCACCHI M, BRIGIDI P, INVITTI C. Effect of short-term dietary intervention and probiotic mix supplementation on the gut microbiota of elderly obese women[J]. *Nutrients*, 2019, 11(12): 3011.
- [22] BUSTAMANTE JM, DAWSON T, LOEFFLER C, MARFORI Z, MARCHESI JR, MULLISH BH, THOMPSON CC, CRANDALL KA, RAHNAVARD A, ALLEGRETTI JR, CUMMINGS BP. Impact of fecal microbiota transplantation on gut bacterial bile acid metabolism in humans[J]. *Nutrients*, 2022, 14(24): 5200.
- [23] QIN PP, ZOU YQ, DAI Y, LUO GW, ZHANG XW, XIAO L. Characterization a novel butyric acid-producing bacterium *Collinsella aerofaciens* subsp. *Shenzhenensis* subsp. nov.[J]. *Microorganisms*, 2019, 7(3): 78.
- [24] LI TY, RUI ZH, MAO LT, CHANG YS, SHAO J, CHEN Y, HAN Q, SUI XM, AN N, LI HQ, FENG HT, JIANG T, WANG QR. Eight weeks of *Bifidobacterium lactis* BL-99 supplementation improves lipid metabolism and sports performance through short-chain fatty acids in cross-country skiers: a preliminary study[J]. *Nutrients*, 2023, 15(21): 4554.
- [25] ZHANG Q, LI G, ZHAO W, WANG XF, HE JJ, ZHOU LM, ZHANG XX, AN P, LIU YH, ZHANG CY, ZHANG Y, LIU SM, ZHAO L, LIU R, LI YX, JIANG WJ, WANG XY, WANG QY, FANG B, ZHAO YY, et al. Efficacy of *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* BL-99 in the treatment of functional dyspepsia: a randomized placebo-controlled clinical trial[J]. *Nature Communications*, 2024, 15(1): 227.
- [26] TYAGI AM, YU MC, DARBY TM, VACCARO C, LI JY, OWENS JA, HSU E, ADAMS J, WEITZMANN MN, JONES RM, PACIFICI R. The microbial metabolite butyrate stimulates bone formation via T regulatory cell-mediated regulation of WNT10B expression[J]. *Immunity*, 2018, 49(6): 1116-1131.e7.
- [27] BARTON W, PENNEY NC, CRONIN O, GARCIA-PEREZ I, MOLLOY MG, HOLMES E,

- SHANAHAN F, COTTER PD, O'SULLIVAN O. The microbiome of professional athletes differs from that of more sedentary subjects in composition and particularly at the functional metabolic level[J]. *Gut*, 2018, 67(4): 625-33.
- [28] GALLARDO-BECERRA L, CORNEJO-GRANADOS F, GARCÍA-LÓPEZ R, VALDEZ-LARA A, BIKEL S, CANIZALES-QUINTEROS S, LÓPEZ-CONTRERAS BE, MENDOZA-VARGAS A, NIELSEN H, OCHOA-LEYVA A. Metatranscriptomic analysis to define the Secrebiome, and 16S rRNA profiling of the gut microbiome in obesity and metabolic syndrome of Mexican children[J]. *Microbial Cell Factories*, 2020, 19(1): 61.
- [29] KULKARNI P, DEVKUMAR P, CHATTOPADHYAY I. Could dysbiosis of inflammatory and anti-inflammatory gut bacteria have an implications in the development of type 2 diabetes? A pilot investigation[J]. *BMC Research Notes*, 2021, 14(1): 52.
- [30] PETERSEN AØ, JOKINEN M, PLICHTA DR, LIEBISCH G, GRONWALD W, DETTMER K, OEFNER PJ, VLAMAKIS H, CHUNG DC, RANKI A, XAVIER RJ. Cytokine-specific autoantibodies shape the gut microbiome in autoimmune polyendocrine syndrome type 1[J]. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 2021, 148(3): 876-888.
- [31] FURUSAWA Y, OBATA Y, FUKUDA S, ENDO TA, NAKATO G, TAKAHASHI D, NAKANISHI Y, UETAKE C, KATO K, KATO T, TAKAHASHI M, FUKUDA NN, MURAKAMI S, MIYAUCHI E, HINO S, ATARASHI K, ONAWA S, FUJIMURA Y, LOCKETT T, CLARKE JM, et al. Commensal microbe-derived butyrate induces the differentiation of colonic regulatory T cells[J]. *Nature*, 2013, 504(7480): 446-50.
- [32] WANG JJ, ZHANG QM, NI WW, ZHANG X, LI Y, LI AL, DU P, LI C, YU SS. Modulatory effect of *Lactobacillus acidophilus* KLDS 1.0738 on intestinal short-chain fatty acids metabolism and GPR41/43 expression in β -lactoglobulin-sensitized mice[J]. *Microbiology and Immunology*, 2019, 63(8): 303-15.
- [33] HART AL, LAMMERS K, BRIGIDI P, VITALI B, RIZZELLO F, GIONCHETTI P, CAMPIERI M, KAMM MA, KNIGHT SC, STAGG AJ. Modulation of human dendritic cell phenotype and function by probiotic bacteria[J]. *Gut*, 2004, 53(11): 1602-9.
- [34] LI Y, LV L, YE J, FANG D, SHI D, WU W, WANG Q, WU J, YANG L, BIAN X, JIANG X, JIANG H, YAN R, PENG C, LI L. *Bifidobacterium adolescentis* CGMCC 15058 alleviates liver injury, enhances the intestinal barrier and modifies the gut microbiota in D-galactosamine-treated rats[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2019, 103(1): 375-93.
- [35] FAN ZX, YANG B, ROSS RP, STANTON C, SHI GX, ZHAO JX, ZHANG H, CHEN W. Protective effects of *Bifidobacterium adolescentis* on collagen-induced arthritis in rats depend on timing of administration[J]. *Food & Function*, 2020, 11(5): 4499-4511.
- [36] ROBERTS JL, LIU GL, DARBY TM, FERNANDES LM, DIAZ-HERNANDEZ ME, JONES RM, DRISSI H. *Bifidobacterium adolescentis* supplementation attenuates fracture-induced systemic sequelae[J]. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, 2020, 132: 110831.
- [37] 李婷婷, 赵如珍, 徐玉婷. 山东省女子竞走运动员冬训前、后肠道菌群特征与运动表现分析[J]. *山东体育科技*, 2023, 45(6): 46-52.
- LI TT, ZHAO RZ, XU YT. Characteristics of gut microbiota and sports performance of the female race walkers in Shandong Province during winter training[J]. *Shandong Sports Science & Technology*, 2023, 45(6): 46-52 (in Chinese).
- [38] 齐晨静, 周宇星, 沙继斌. 运动训练对肠道菌群的特征性影响与作用机制研究进展[J]. *中国运动医学杂志*, 2024, 43(4): 294-302.
- QI CJ, ZHOU YX, SHA JB. Research progress on the characteristic influence of exercise training on intestinal flora and its mechanism[J]. *Chinese Journal of Sports Medicine*, 2024, 43(4): 294-302 (in Chinese).