

益生菌联合酵母抽提物对女足运动员身体成分及肠道微生物组的影响

李学力, 刘楷阳, 张 猛, 孙志宏, 王记成*

(内蒙古农业大学乳品生物技术与工程教育部重点实验室 农业农村部奶制品加工重点实验室
内蒙古自治区乳品生物技术与工程重点实验室 国家饲料微生物种质资源库 呼和浩特 010018)

摘要 为探究女足运动员常规训练期间益生菌联合酵母抽提物对其身体成分及肠道微生物组的影响,以 42 名女足运动员为对象,开展一项为期 42 d 的随机、双盲、安慰剂对照实验。在第 0、21 和 42 天收集女运动员的身体成分数据和粪便样本进行宏基因组研究。结果显示:相较于对照组,干预组运动员左下肢节段和右上肢节段的肌肉量分别显著提升 6.99% 和 6.92%,躯干骨质水平提升 5.48%,同时腰臀比降低 4.13%。通过比较两组运动员干预期间的肠道微生物组,观察到基于 9 种微生物和 16 种功能的肠道微生物组的变化,具体表现为动物双歧杆菌和唾液链球菌丰度等有益菌丰度的增加,副流感嗜血杆菌和粪便罗斯拜瑞氏菌等潜在有害菌以及磷酸丙糖异构酶抗体、脯氨酰-tRNA 合成酶和大亚基核糖体等功能特征的减少。关联分析表明,益生菌联合酵母抽提物通过调节动物双歧杆菌的丰度,增加运动员的躯干骨质,降低腰臀比;通过调节唾液链球菌的丰度,增加运动员的右上肢肌肉量,同时通过下调小亚基核糖体蛋白 S13,进一步降低腰臀比。本研究揭示益生菌联合酵母抽提物通过调控肠道微生物组稳态促进女足运动员健康的潜在机制,为个性化微生态制剂的开发提供了循证依据。

关键词 益生菌; 酵母抽提物; 女足运动员; 身体成分; 宏基因组

文章编号 1009-7848(2024)09-0131-10 **DOI:** 10.16429/j.1009-7848.2024.09.013

足球作为世界第一运动,是全球体育界最具影响力的单项体育运动之一,它的突出特点为高强度的跑动,这就要求足球运动员在训练和比赛中具有较强的身体素质。而女足运动员作为一类特殊人群,为了弥补身体对抗差距,需在日常训练中进行更多高强度、超负荷训练,其通过高强度、高密度的训练方法刺激机体力量、速度、耐力、柔韧、灵敏等身体素质,使机体摆脱习惯性的身体运动训练状态,不断适应更高强度的负荷,从而有效地提高运动成绩^[1]。体成分测量可以即时反映运动员的内部结构比例特征,可作为评价机体运动训练效果、健康状况、营养水平和肥胖程度的重要生理指标,是体育科研领域中的重要组成部分^[2]。由于运动员在训练时会体成分产生不同程度的影响,因此在运动训练过程中给予运动员科学的体成分测量,将有利于观察运动训练和营养干预对运动员身体成分产生的不同程度的影响,以便做

出积极的调整。最近的研究表明:肠道健康与体成分尤其是肌肉健康紧密相关,肠道微生物群对健康的影响已超过肠-脑轴。这种肠道与肌肉之间的相关性也被称为肠-肌轴^[3]。

世界卫生组织(WHO)和联合国粮食及农业组织(FAO)将益生菌定义为“在给予足够量时为宿主提供健康益处的活微生物”^[4]。益生菌在调节肠道菌群稳态,促进消化与吸收,调节免疫机能,提升抗氧化能力,降低胆固醇,降低血压,抗肿瘤以及调节蛋白质代谢等方面的积极作用已得到验证^[5-9]。随着人们对益生菌研究的不断深入,益生菌的运动营养功能也逐渐被人们认识,益生菌干预对运动员身体成分及运动表现方面的益处也已得到认可^[10]。例如,补充乳杆菌 TWK10 可增加大鼠腓肠肌 I 型肌纤维的数量和瘦体重;补充植物乳杆菌 PS128 可改善铁人三项运动员运动时骨骼肌的能量代谢,提高骨骼肌对运动负荷的适应能力^[11]。补充植物乳杆菌 Tana 和长双歧杆菌 OLP-01 皆可提高机体的握力与耐力。减缓疲劳并提高运动表现^[12-13]。还有报道副干酪乳酪杆菌的摄入可以延缓与年龄相关的肌肉减少症^[14-16]。越来越多的

收稿日期: 2024-07-10

基金项目: 国家自然科学基金项目(32260572)

第一作者: 李学力,男,硕士,讲师

通信作者: 王记成 E-mail: imwj@163.com

研究都表明益生菌通过提高肌肉健康水平,从而提高运动员的肌肉力量、运动耐力和身体成分水平^[17-20]。

酵母抽提物是酵母在酶或附加食品级酶的共同作用下,通过酶水解和自溶得到的产物,富含多种氨基酸、多肽、核苷酸和B族维生素等小分子营养物质^[21]。酵母抽提物中富含的谷胱甘肽,具有保健、调味和营养三大功能,同时还具有清除自由基和维持细胞生物功能的作用^[22]。有研究表明,布拉迪酵母等可以改变肠道菌群组成,增加双歧杆菌和乳酸杆菌的相对丰度,酵母中的 β -葡聚糖也被报道可以调节肠道菌群,从而改善宿主代谢健康^[23-24]。酵母多肽作为酵母抽提物的重要组成部分,含有人体所必需的8种氨基酸,是优质的蛋白质来源。同时,其还含有麦角固醇、海藻糖等多种生理活性物质,能促进肠道中有益菌群的繁殖,提高肠黏膜的抗氧化能力和免疫功能,增强机体的免疫能力,预防运动性骨骼肌损伤的发生以及促进运动性骨骼肌损伤的修复等多种潜在益生功效^[25-26]。益生菌联合酵母抽提物还可降低促炎因子水平,增加宿主肠道中有益菌的相对含量,增强宿主免疫能力和免疫功能^[27],显著提升运动表现^[28]。上述研究也为本研究提供了扎实的研究基础。

对于努力提高比赛成绩而需要积极备赛的女足运动员来说,如何根据肠道菌群对运动员身体成分和健康的影响,科学、合理地开展运动训练的营养干预,已成为一个亟待解决的问题,而益生菌联合酵母抽提物干预策略不失为一种极具潜力的选择^[29]。目前的研究大多仅停留在动物实验层面,针对运动员影响的研究数量仍然较少。为了解益生菌联合酵母抽提物如何靶向调节运动员肠道微生物以改善其身体成分,本研究以42名女足运动员(在校大学生)为受试对象,通过为期42天的干预,探究益生菌联合酵母抽提物对运动员身体成分的影响及肠道微生物组动态变化在其中发挥的作用,为制定运动营养干预方案,提升运动训练效果等提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 试验对象

试验对象为内蒙古农业大学42名在校女足运动员。运动员年龄均大于16岁,且参与当前训

练项目1年以上,在项目开始前未经高强度训练或参与大型比赛,曾出现过胃肠道症状但未患有严重的胃肠道疾病,且近期末接受过长时间的抗生素治疗,无艰难梭菌感染史或对菌粉过敏者,均自愿参与本项目。42名女足运动员分为干预组(24人)和对照组(18人)。

1.2 主要试剂和仪器

粪便微生物基因组保护液套装(Longsee GEN Stool Storage Kit)、PCR体系试剂(Taq DNA聚合酶、dNTP mix、10×Easy Taq Buffer等),大连宝生物工程有限公司;Qiagen粪便DNA快速提取试剂盒,美国Qiagen公司。

Applied Biosystems PCR仪,美国应用生物系统公司;Illumina NovaSeq 6000测序平台,美国Illumina公司;BCA-2A人体成分分析仪,同方健康科技股份有限公司。

1.3 试验设计

两组运动员在为期42d的干预过程中,均禁止摄入低温酸奶等含有益生菌的相关制品。干预组摄入益生菌联合酵母抽提物制剂,对照组摄入等量安慰剂。

1.3.1 体成分检测 为了解运动员的体成分改善情况,两组运动员分别在第0、21和42天使用清华同方BCA-2A型人体成分分析仪进行体成分检测,通过仪器记录数据并对最终结果进行统计分析。

1.3.2 宏基因组检测 分别在第0、21和42天采集运动员粪便样品,样品采集均由掌握粪便采集方法的运动员个人完成,使用粪便微生物基因组保护液套装采集约2g新鲜粪便样品,采集完成后送至内蒙古农业大学乳品生物技术与工程教育部重点实验室,于-80℃冰箱暂存备用。使用宏基因组DNA提取试剂盒提取粪便样品宏基因组,通过凝胶电泳和NanoDrop 8000分光光度计进行DNA质量和浓度分析,将符合要求的DNA置于-20℃冰箱备用,使用Illumina NovaSeq 6000平台检测所有粪便样本宏基因组DNA序列。应用MetaPhlAn4工具对高质量的序列进行微生物群落结构分析^[30]。

1.4 数据处理

采用R(v.4.0.5)语言和Parallel-Meta Suite^[31]

中的 R 脚本执行生物信息学统计分析。非参数 Wilcoxon Rank-sum 检验和 Wilcoxon Signed-rank 检验分别用于分析组间和组内配对样本间的差异,其中 P 值小于 0.05 表示统计学意义显著。对于菌群的 α 和 β 多样性分析、Permanova (Permutational multivariate analysis of variance) 检验以及基于 Bray-Curtis 的主坐标分析 (Principal coordinates analysis, PCoA), 主要通过 R 包 (如 vegan、optparse 和 ggpubr) 进行计算和展示。Spearman 相关系数被用来评估肠道微生物的种类和功能与宿主表型之间的关联。数据可视化则通过 R 包 (包括 ggplot2、ggpubr 和 pheatmap) 实现,用于创建箱型图、散点图和热图。Parallel-Meta Suite 中的 R 脚本用于评估非参数统计的显著性。

2 结果与分析

2.1 益生菌联合酵母抽提物对运动员身体成分的影响

在本研究的正式实验阶段,通过纳排标准筛选共招募 42 名在校大学生女足运动员,其中干预组 24 人、对照组 18 人。在干预期间,所有运动员均遵循每周至少 6 d、每天超过 2 h 的训练计划。干预前,两组在平均年龄和 BMI 上均未显示出显著性差异 ($P > 0.05$)。所有人均在第 0、21 和 42 天

完成了既定的身体成分测量和粪便样本的采集。

身体成分测试指标包括体质量、四肢节段肌肉、体脂百分比、骨质、水分、骨骼肌、腰臀比等。其中四肢节段肌肉量是指是指四肢(上肢和下肢)各节段(如大腿、小腿、上臂、前臂等)的肌肉组织量,是评估人体肌肉健康状况和功能能力的重要指标;躯干骨质主要是指躯干部位的骨骼质量,能够为运动员提供稳定的支撑、保护重要器官、提高运动表现和预防运动损伤;而腰臀比是指腰围与臀围的比值,用来评估身体脂肪分布和健康状况。体成分测量在衡量运动员身体机能以及身体健康方面具有重要意义。

为了评估益生菌联合酵母抽提物对运动员身体成分的影响,本研究使用人体成分分析仪来测量运动员的各项身体成分。经过 42 d 的干预后(图 1),与对照组相比,干预 21 d 后,干预组运动员的左下肢节段肌肉量、右上肢节段肌肉量和躯干骨质分别显著提升了 6.99%, 6.29%, 5.48% ($P < 0.05$),表明益生菌联合酵母抽提物干预增强了女足运动员的肌肉量和骨质质量。此外,干预 42 d 后,干预组运动员的腰臀比降低了 4.13% ($P < 0.05$),表明益生菌联合酵母抽提物干预减少了女足运动员的腹部脂肪堆积,增强了其下肢肌肉。

结果表明,益生菌联合酵母抽提物的干预能

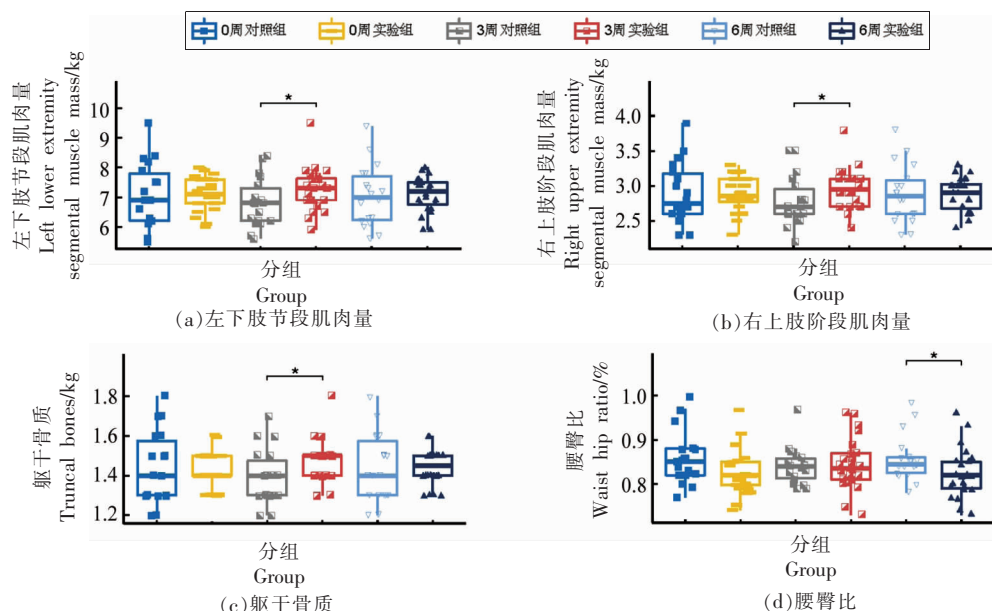


图 1 益生菌联合酵母抽提物对运动员身体成分的影响

Fig.1 Effects of probiotics combined with yeast polypeptides on physical function of athletes

够显著提高女足运动员的左下肢节段和右上肢节段肌肉量以及躯干骨质水平,同时降低运动员的腰臀比,减少腹部脂肪堆积,提高身体素质。先前的研究发现,连续4周给大鼠补充热灭活的短双歧杆菌 B-3,发现肌肉力量和质量得以显著提升^[32];同样的,添加4周植物乳杆菌 PL-02 可显著提高小鼠的肌肉质量、肌肉力量和耐力^[19];补充6周的植物乳杆菌也被发现能显著增加小鼠和人类的肌肉质量^[33]。这些结果似乎证实,在本研究中,补充益生菌联合酵母抽提物制剂在改善肌肉质量方面也有显著的益处。

2.2 益生菌联合酵母抽提物对运动员肠道微生物组多样性的影响

在微生物组的研究中发现, α 多样性多与更

健康的肠道微生物组相关联^[34-35],而许多疾病的发生则与肠道微生物组的 β 多样性改变有关^[35-36]。因此我们对益生菌干预前后肠道微生物组的 α 和 β 多样性进行了比较。

对于肠道微生物 α 多样性,本研究采用香农指数(Shannon)和辛普森指数(Simpson)全面比较了不同干预时间段运动员肠道微生物的 α 多样性。结果显示在干预0 d、干预21 d、干预42 d时肠道微生物的 α 多样性均未见明显变化(图2a, $P > 0.05$)。然而在微生物功能方面,在干预42 d结束时,香农和辛普森多样性指数结果都表明两组运动员在肠道微生物功能上存在显著差异(图2b, $P < 0.05$),表明42 d的益生菌联合酵母抽提物干预影响了运动员的肠道微生物功能。

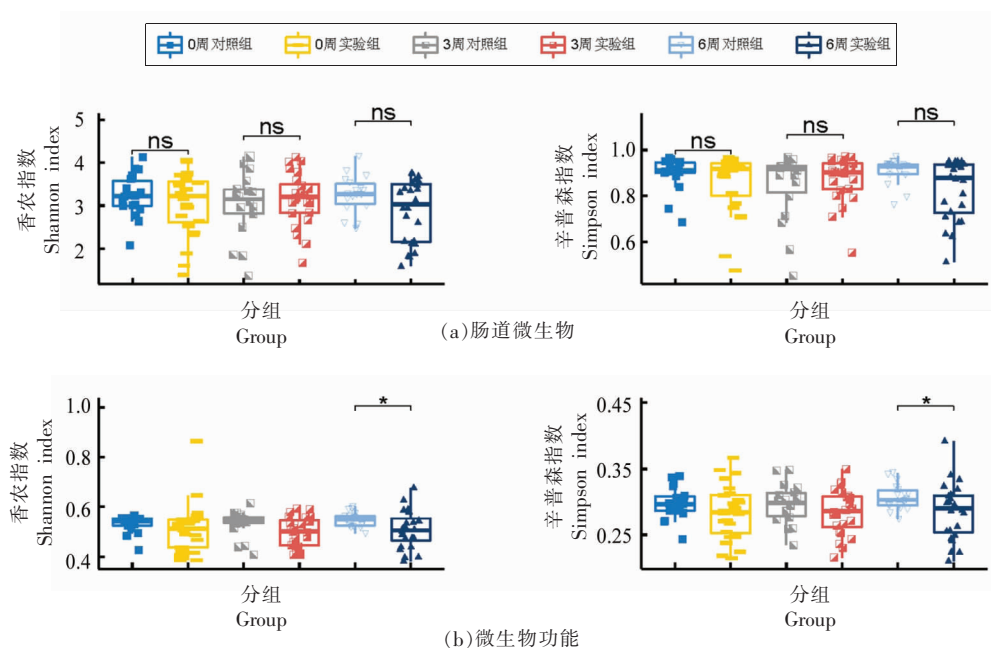


图2 益生菌联合酵母抽提物对运动员肠道微生物 α 多样性的影响

Fig.2 Effects of probiotics combined with yeast peptides on α diversity of intestinal microbes in athletes

在 β 多样性方面,本研究通过PCoA分析对肠道微生物的物种和功能进行了可视化比较。结果显示,在物种层面,两组之间在干预0 d和21 d都不存在显著性差异(Permanova, F 值分别为1.72,1.52; $P > 0.05$);但在干预42 d后,干预组和对照组出现显著性差异(Permanova, F 值为2.19; $P < 0.05$)。而在微生物功能层面,两组之间在干预

0,21 d和42 d都没有观察到显著性差异(Permanova, F 值分别为0.92,1.03,2.61; $P > 0.05$)。

总的来看,益生菌联合酵母抽提物对运动员肠道微生物 α 多样性的影响主要涉及肠道微生物功能方面,表明复合微生态制剂能够有效调节运动员训练期间微生物组的功能。而对运动员肠道微生物 β 多样性的影响主要是在肠道微生物组成

方面,表明尽管复合微生态制剂干预对特定功能的物种丰富度有所影响,但其对整体功能结构的调整作用有限。先前在动物研究中也发现,经植物乳杆菌 TWK10 干预 8 周后的小鼠在 α 多样性上

与对照组比较无统计学差异,但在 β 多样性显示出明显不同,表明 TWK10 诱导了幼鼠肠道微生物组成的重排^[18]。表明本研究结果也得到证实。

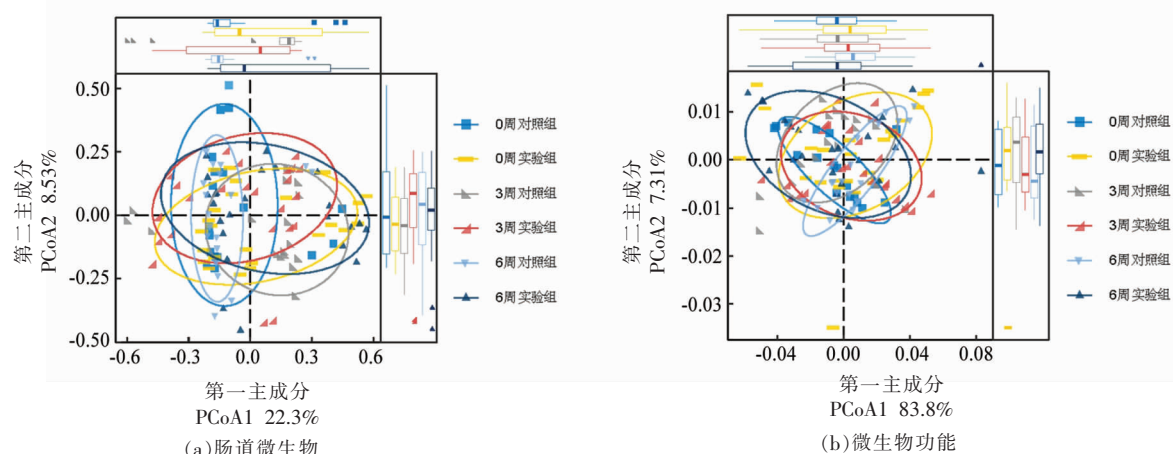


图3 益生菌联合酵母抽提物对运动员肠道微生物 β 多样性的影响

Fig.3 Effects of probiotics combined with yeast peptides on intestinal microbial β diversity in athletes

2.3 肠道微生物在组成及功能上的差异标志物分析

为了探究运动员在干预期间不同时间点上肠道微生物的变化,本研究对干预组和对照组的微生物群落和功能进行了差异性分析。

分析结果表明(图4),在微生物组成方面,干预组和对照组在种水平上共有9个差异物种。在干预第21天时,4个物种显著不同,其中动物双歧杆菌(*Bifidobacterium animalis*)的丰度显著增加($P < 0.001$),且副流感嗜血杆菌(*Haemophilus parainfluenzae*)丰度显著降低($P < 0.05$);干预42天后,共有6个物种具有显著差异,干预组除了显著增加的动物双歧杆菌($P < 0.01$),还有唾液链球菌(*Streptococcus salivarius*)($P < 0.05$),对照组显著增加的有多氏居海事城球杆菌(*Phocaeicola dorei*)以及粪便罗斯拜瑞氏菌(*Roseburia faecis*)($P < 0.05$)。

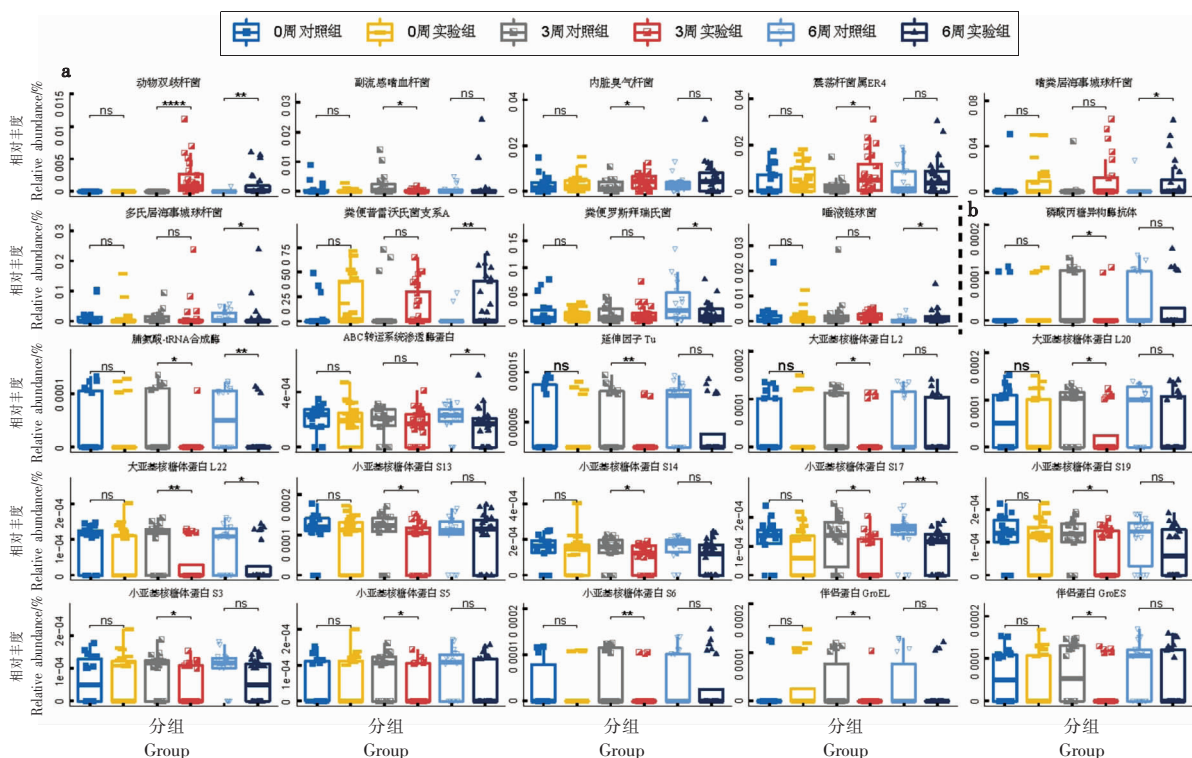
在微生物功能方面,干预组和对照组共鉴定到16个差异标志物。在干预第21天时,15个标志物显著不同,其中干预组磷酸丙糖异构酶抗体(Triosephosphate isomerase)、脯氨酰-tRNA合成酶(Prolyl-tRNA synthetase)、大亚基核糖体蛋白

L2、L20、L22(Large subunit ribosomal protein L2、L20、L22)、小亚基核糖体蛋白S13、S14、S17、S19、S3、S5、S6(Small subunit ribosomal protein S13、S14、S17、S19、S3、S5、S6)、伴侣蛋白GroEL(Chaperonin GroEL)、伴侣蛋白GroES(Chaperonin GroES)、延伸因子Tu(Elongation factor Tu)、大亚基核糖体蛋白L22和小亚基核糖体蛋白S6标志物显著低于对照组($P < 0.05$);干预42d后,共出现4种标志物差异,其中干预组大亚基核糖体蛋白L22、脯氨酰-tRNA合成酶和小亚基核糖体蛋白S17含量仍显著降低($P < 0.05$),同时新增一种差异标志物假定ABC转运系统渗透酶蛋白(Putative ABC transport system permease protein)($P < 0.05$)。

干预组和对照组的差异性分析结果表明,随着时间的增加,益生菌干预对肠道微生物组成的影响也越来越大,主要表现为动物双歧杆菌和唾液链球菌丰度等有益菌丰度的增加,副流感嗜血杆菌和粪便罗斯拜瑞氏菌等潜在有害菌以及磷酸丙糖异构酶抗体、脯氨酰-tRNA合成酶和大亚基核糖体等功能特征的减少。而在一项关于益生菌对远航海员肠道乳酸菌菌群影响的文章中我们也

发现了相似的结果,其在对海员进行为期 30 d 的干预后发现,植物乳杆菌和发酵乳杆菌等有益菌相对含量增加,肠道中副血链球菌和血链球菌显著减少^[37]。另一方面,干预 21 d 时差异标志物最

多,但在干预 42 d 后又显著减少,这可能与宿主肠道自身的调节功能有关。后续需通过长期的干预试验来验证这一可能及其可能存在的调节机制。



注:a 为种水平上的差异微生物;b 为微生物功能上的差异标志物。

图 4 肠道微生物在组成及功能上的差异标志物

Fig.4 Markers of difference in composition and function of intestinal microbes

2.4 肠道微生物组中的差异标志物与表型的相关性分析

为了深入了解肠道微生物组与运动员健康及身体成分之间的相互作用,以揭示微生物组与宿主表型之间的联系。本研究分析了肠道微生物的差异标志物与差异表型数据之间的 Spearman 相关关系(矫正后 $P < 0.1$, 即 $q < 0.1$)。

结果表明,干预期内运动员的身体成分与肠道微生物的组成显著相关(图 5a)。具体来说,动物双歧杆菌与运动员左下肢节段肌肉量和右上肢节段肌肉量呈正相关($P < 0.05$);唾液链球菌与右上肢节段肌肉量也呈正相关。除此之外,动物双歧杆菌也与腰臀比显著负相关。

另一方面,运动员的身体成分与肠道微生物

的功能都呈显著正相关(图 5b, $r > 0$)。具体来说,大亚基核糖体蛋白 L2、小亚基核糖体蛋白 S13、S17、S19、S3、S5、S6 与运动员的躯干骨质、左下肢节段肌肉量和右上肢节段肌肉量都呈正相关;而大亚基核糖体蛋白 L22 也与运动员的躯干骨质、左下肢节段肌肉量相关;除此之外,磷酸丙糖异构酶抗体、延伸因子 Tu、伴侣蛋白 GroEL、伴侣蛋白 GroES 与运动员的躯干骨质、左下肢节段肌肉量和右上肢节段肌肉量也都呈正相关;小亚基核糖体蛋白 S13 也与腰臀比呈正相关。

以上结果表明,益生菌联合酵母抽提物制剂干预后,运动员身体成分的改变与肠道微生物的组成和功能具有显著相关性,尤其是益生菌联合酵母抽提物能够通过调节动物双歧杆菌的丰度从

而增加运动员的躯干骨质,降低腰臀比,同时通过降低小亚基核糖体蛋白 S13 进一步降低了腰臀比。而唾液链球菌的丰度提高也显著增加了运动员的右上肢肌肉量。这也证实了肠-肌轴能够通过肠道微生物群影响肌肉质量、肌肉质量和肌肉功

能^[17],包含但不限于通过膳食纤维、蛋白质和代谢副产物等途径影响肌肉健康^[38]。说明复合益生菌联合酵母抽提物制剂能够通过调控特定肠道微生物的组成及功能来提高运动员的各项身体成分。

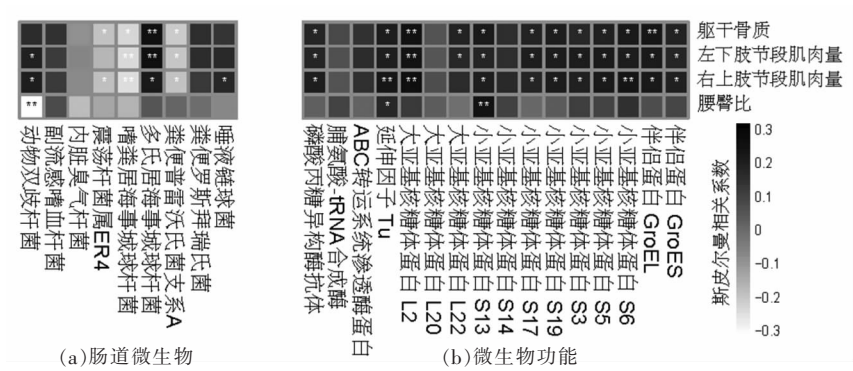


图 5 肠道微生物与表型指标之间的 Spearman 相关性

Fig.5 Spearman correlation between intestinal microbes and phenotypic indicators

3 结论

本研究基于宏基因二代测序技术探究益生菌联合酵母抽提物对 42 名女足运动员身体成分的影响,干预结果表明运动员的部分身体成分得到提升,其中躯干骨质、左下肢节段肌肉量、右上肢节段肌肉量和腰臀比改善尤为显著,而在肠道微生物方面在种水平上共鉴定到 9 个差异物种以及 16 种功能的差异肠道微生物组。因此运动员体成分的改善是通过调节特定的肠道微生物以及肠道标志物来实现的,从而揭示了益生菌联合酵母抽提物在干预过程中运动员肠道微生物组、微生物功能及其表型之间的关系。未来需要进一步探究益生菌联合酵母抽提物的干预机制,为理解益生菌联合酵母抽提物对运动员身体机能的改善机制提供新的视角。

参 考 文 献

[1] 易颖. 葡萄籽原花青素对高校高水平女足运动员氧化应激与运动能力的影响及其机制研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2022.
YI Y. The effect of grape seed proanthocyanidins extract on oxidative stress and athletic ability of college and university high-level female soccer athletes and its mechanism[D]. Changsha: Hunan Agri-

cultural University, 2022.
[2] 王艺. 运动训练联合益生菌发酵乳干预对陕西省女子越野滑雪运动员无氧能力和力量素质的影响[D]. 西安: 西安体育学院, 2023.
WANG Y. Effect of exercise training combined with probiotic fermented milk on anaerobic ability and strength quality of female cross-country skiers in Shaanxi province[D]. Xi'an: Xi'an Physical Education University, 2023.
[3] AYKUT M N, ERDOĞAN E N, ÇELİK M N, et al. An updated view of the effect of probiotic supplement on sports performance: A detailed review[J]. Curr Nutr Rep, 2024, 13(2): 251-263.
[4] WHO F. Health and nutritional properties of probiotics in food including powder milk with live lactic acid bacteria[J]. Joint FAO/WHO Expert Consultation, 2001, 1: 1-4.
[5] 董珂, 刘晶星, 郭晓奎. 益生菌增强机体免疫和抗肿瘤作用的分子机制[J]. 中国微生态学杂志, 2005 (1): 38.
DONG K, LIU J X, GUO X K. Molecular mechanisms of probiotics to enhance body immunity and anti-tumor effects[J]. Chinese Journal of Microecology, 2005(1): 38.
[6] 方景泉, 迟涛, 李慕扬. 功能性菌种及其健康益处[J]. 中国乳品工业, 2008(6): 48-50.

- FANG J Q, CHI T, LI M Y. Functional cultures and health benefits[J]. China Dairy Industry, 2008 (6): 48–50.
- [7] FILIPE S, BAS T, DOUWE M, et al. Effect of amino acid availability on vitamin B12 production in *Lactobacillus reuteri* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(12): 3930–3936.
- [8] TSAI J S, LIN Y S, PAN B S, et al. Antihypertensive peptides and γ -aminobutyric acid from prozyme 6 facilitated lactic acid bacteria fermentation of soymilk[J]. Process Biochemistry, 2006, 41 (6): 1282–1288.
- [9] NOH D O, KIM S H, GILLILAND S E. Incorporation of cholesterol into the cellular membrane of *Lactobacillus acidophilus* ATCC 43121[J]. Journal of Dairy Science, 80(12): 3107–3113.
- [10] SIVAMARUTHI S B, KESIKA P, CHAIYASUT C. Effect of probiotics supplementations on health status of athletes[J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2019, 16(22): 4469–4469.
- [11] HUANG W C, WEI C C, HUANG C C, et al. The beneficial effects of *Lactobacillus plantarum* PS128 on high-intensity, exercise-induced oxidative stress, inflammation, and performance in triathletes [J]. Nutrients, 2019, 11(2): 353–353.
- [12] LEE M C, CHEN M J, HUANG H W, et al. Probiotic *Lactiplantibacillus plantarum* Tana isolated from an international weightlifter enhances exercise performance and promotes antifatigue effects in mice [J]. Nutrients, 2022, 14(16): 3308–3308.
- [13] LEE M C, HSU Y J, CHUANG H L, et al. In vivo ergogenic properties of the *Bifidobacterium longum* olp-01 isolated from a weightlifting gold medalist[J]. Nutrients, 2019, 11(9): 2003.
- [14] CHEN L H, HUANG S Y, HUANG K C, et al. *Lactobacillus paracasei* PS23 decelerated age-related muscle loss by ensuring mitochondrial function in SAMP8 mice[J]. Aging (Albany NY), 2019, 11(2): 756–770.
- [15] GROSICKI G J, FIELDING R A, LUSTGARTEN M S. Gut microbiota contribute to age-related changes in skeletal muscle size, composition, and function: biological basis for a gut-muscle axis[J]. Calcif Tissue Int, 2018, 102(4): 433–442.
- [16] GIRON M, THOMAS M, DARDEVET D, et al. Gut microbes and muscle function: Can probiotics make our muscles stronger?[J]. J Cachexia Sarcopenia Muscle, 2022, 13(3): 1460–1476.
- [17] CHEW W, LIM Y P, LIM W S, et al. Gut-muscle crosstalk. A perspective on influence of microbes on muscle function[J]. Front Med (Lausanne), 2022, 9: 1065365.
- [18] LEE C C, LIAO Y C, LEE M C, et al. *Lactobacillus plantarum* twk10 attenuates aging-associated muscle weakness, bone loss, and cognitive impairment by modulating the gut microbiome in mice[J]. Front Nutr, 2021, 8: 708096.
- [19] LEE M C, HSU Y J, HO H H, et al. Effectiveness of human-origin *Lactobacillus plantarum* PL-02 in improving muscle mass, exercise performance and anti-fatigue[J]. Sci Rep, 2021, 11(1): 19469.
- [20] TICINESI A, NOUVENNE A, CERUNDOLO N, et al. Gut microbiota, muscle mass and function in aging: A focus on physical frailty and sarcopenia[J]. Nutrients, 2019, 11(7): 1613.
- [21] 石拓, 刘晓倩, 徐庆阳. 酵母抽提物生产工艺的研究进展[J]. 发酵科技通讯, 2019, 48(1): 5–8.
- SHI T, LIU X Q, XU Q Y. Research progress of yeast extract production process[J]. Bulletin of Fermentation Science and Technology, 2019, 48(1): 5–8.
- [22] 努热孜姑丽·托合提卡地尔, 杨雅, 徐磊, 等. 小茴香提取物对酒精性肝损伤小鼠的保护作用[J]. 中国食品添加剂, 2022, 33(10): 175–180.
- TUOHETIKADIER N, YANG Y, XU L, et al. Protective effect of extract from *Foeniculum vulgare* on alcoholic liver injured mice[J]. China Food Additives, 2022, 33(10): 175–180.
- [23] 阿荣, 张洁. 肠道菌群失调与糖尿病相关性的研究进展[J]. 中国当代医药, 2023, 30(13): 43–49.
- A R, ZHANG J. Progress of research on the correlation between intestinal flora dysbiosis and diabetes mellitus[J]. China Modern Medicine, 2023, 30(13): 43–49.
- [24] 李祥, 陈贵杰, 康贻军, 等. 酵母甘露糖蛋白体外发酵及其代谢产物的抗炎活性[J]. 食品科学, 2023, 44(2): 212–221.
- LI X, CHEN G J, KANG Y J, et al. Fermentation of yeast mannoprotein by Intestinal microorganisms in vitro and anti-inflammatory activity of its metabolites[J]. Food Science, 2023, 44(2): 212–221.

- [25] 吴瑛, 刘鹏, 张勇. 酵母多肽对小鼠运动性骨骼肌损伤影响的实验研究[C]. 中国营养学会第十五次全国营养科学大会论文汇编. 北京: 北京科技大学, 2022.
- WU Y, LIU P, ZHANG Y. Experimental study of the effect of yeast peptides on locomotor skeletal muscle injury in mice[C]. The 15th National Nutrition Science Conference of Chinese Nutrition Society. Beijing: University of Science and Technology Beijing, 2022.
- [26] WANG Y Z, XIE J M, WANG N, et al. *Lactobacillus casei* Zhang modulate cytokine and Toll-like receptor expression and beneficially regulate poly I:C-induced immune responses in RAW264.7 macrophages[J]. Microbiology and Immunology, 2013, 57(1): 54–62.
- [27] 王帅. 酵母多肽联合益生菌 *Lactobacillus casei* Zhang 对大鼠肠道菌群和免疫功能的影响[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2021.
- WANG S. Effect of yeast polypeptide combined with probiotic *Lactobacillus casei* Zhang on fecal microbiota and immunity of rats[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2021.
- [28] LI Y L, WANG S, QUAN K Y, et al. Co-administering yeast polypeptide and the probiotic, *Lactobacillus casei* Zhang, significantly improves exercise performance [J]. Journal of Functional Foods, 2022, 95(9): 105161.
- [29] ROBERTS J D, SUCKLING C A, PEEDLE G Y, et al. An exploratory investigation of endotoxin levels in novice long distance triathletes, and the effects of a multi-strain probiotic/prebiotic, antioxidant intervention[J]. Nutrients, 2016, 8(11): 733.
- [30] FRANZOSA E A, MCIVER L J, RAHNAVARD G, et al. Species-level functional profiling of metagenomes and metatranscriptomes[J]. Nature Methods, 2018, 15(11): 962–968.
- [31] CHEN Y Z, LI J, ZHANG Y F, et al. Parallel - Meta Suite: Interactive and rapid microbiome data analysis on multiple platforms[J]. iMeta, 2022, 1(1): e1.
- [32] TODA K, YAMAUCHI Y, TANAKA A, et al. Heat-killed *Bifidobacterium breve* B-3 enhances muscle functions: Possible involvement of increases in muscle mass and mitochondrial biogenesis[J]. Nutrients, 2020, 12(1): 219.
- [33] CHEN Y M, WEI L, CHIU Y S, et al. *Lactobacillus plantarum* TWK10 supplementation improves exercise performance and increases muscle mass in mice[J]. Nutrients, 2016, 8(4): 205.
- [34] OHAD M, CHENGZHEN L D, SERGEY A K, et al. Health and disease markers correlate with gut microbiome composition across thousands of people [J]. Nature Communications, 2020, 11(1): 5206.
- [35] STUART A, EDMOND A, AMRITA V, et al. Lower gut microbiome diversity and higher abundance of proinflammatory genus *Collinsella* are associated with biopsy-proven nonalcoholic steatohepatitis[J]. Gut microbes, 2020, 11(3): 569–580.
- [36] HYUN O J, HEE L J, SEOK C M, et al. Characterization of gut microbiome in Korean patients with metabolic associated fatty liver disease[J]. Nutrients, 2021, 13(3): 1013.
- [37] 吕瑞瑞, 杨成聪, 赵飞燕, 等. 益生菌 Probio-X® 对远航海员肠道中乳酸菌菌群的影响[J]. 中国食品学报, 2021, 21(9): 71–78.
- LÜ R R, YANG C C, ZHAO F Y, et al. Effect of probiotics probio-X® on intestinal lactic acid bacteria in long-sea-voyage sailors[J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2021, 21(9): 71–78.
- [38] GUINANE C M, COTTER P D. Role of the gut microbiota in health and chronic gastrointestinal disease: understanding a hidden metabolic organ [J]. Therapeutic Advances in Gastroenterology, 2013, 6(4): 295–308.

Effect of Probiotics Combined with Yeast Extract on Body Composition and Gut Microbiome of Female Soccer Players

Li Xueli, Liu Kaiyang, Zhang Meng, Sun Zhihong, Wang Jicheng*

(Inner Mongolia Agricultural University; Key Laboratory of Dairy Biotechnology and Engineering, Ministry of Education; Key Laboratory of Dairy Products Processing, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Inner Mongolia Key Laboratory

of Dairy Biotechnology and Engineering; National Collection of Microbial Resource for Feed, Hohhot 010018)

Abstract To investigate the impact of probiotics combined with yeast extract on the body composition and gut microbiome of female soccer players during routine training, a 42-day randomized, double-blind, placebo-controlled trial was conducted with 42 athletes. Body composition data and fecal samples were collected on days 0, 21, and 42 for metagenomic analysis. The results indicated significant increases in muscle mass in the lower left leg and upper right arm segments by 6.99% and 6.92% respectively at day 21, and a 5.48% increase in trunk bone mass, while the waist-to-hip ratio decreased by 4.13% at day 42 in the intervention group compared to the control group. Analysis of the gut microbiome revealed changes in microbial composition and function, characterized by increased abundance of beneficial bacteria such as *Bifidobacterium animalis* and *Streptococcus salivarius*, and decreased presence of potentially harmful bacteria like *Haemophilus parainfluenzae* and *Roseburia faecis*, along with reductions in phosphoglycerate mutase antibodies, prolyl-tRNA synthetase, and large subunit ribosomal proteins. Correlation analysis indicated that the combined supplement of probiotics and yeast extract enhanced trunk bone mass and reduced waist-to-hip ratios by modulating the abundance of *Bifidobacterium animalis*, increased upper right arm muscle mass through *Streptococcus salivarius*, and further reduced waist-to-hip ratios through the downregulation of small subunit ribosomal protein S13. These findings reveal the potential mechanisms by which probiotics and yeast extract regulate the stability of the gut microbiome to promote health in female soccer players and provide evidence-based support for the development of personalized microecological preparations.

Keywords probiotics; yeast extract; female soccer players; body composition; metagenome