

Prewencja urazów występujących podczas treningu fizycznego ma kluczowe znaczenie dla osiągnięcia optymalnej wydolności każdego zawodnika, a ćwiczenia fizyczne mogą wiązać się z indukowaniem zarówno ostrych jak i przewlekłych zmian zapalnych, związanych z nadmierną reaktywnością układu odpornościowego oraz powtarzającym się uszkodzeniem tkanek. Niestety większość odkrytych w tej dziedzinie biomarkerów jest niewystarczająca i wykazuje jedynie niewielki związek z podatnością na uszkodzenie tkanek. Najnowsze osiągnięcia w dziedzinie biologii molekularnej, immunohistochemii, bioinformatyki i inżynierii komputerowej pozwoliły uzyskać wgląd w dynamikę funkcjonowania kolonii bakteryjnych i ich "odbicie w funkcjonowaniu układu odpornościowego". Mikroflorze jelitowej (czyli populacji drobnoustrojów żyjących w jelicie grubym człowieka) przypisano udział w regulacji metabolizmu energetycznego, odpowiedzi zapalnej, trawieniu, odżywianiu, hydratacji organizmu oraz stresu oksydacyjnego, stąd jesteśmy przekonani o konieczności zrozumienia, w jaki sposób mikrobiom jelitowy (GM) może wywierać korzystny wpływ na osoby podejmujące wysiłek fizyczny i czy zmiany w jego składzie są czynnikiem ograniczającym, czy wspomagającym trening.

Chociaż istnieją doniesienia naukowe potwierdzające istotną rolę mikroflory jelitowej w zachowaniu zdrowia i osiągnięciu lepszych wyników w sporcie wyczynowym, a także uwypuklające większą różnorodność drobnoustrojów w rezultacie ciężkich obrażeń, większość z nich opiera się na modelu zwierzęcym, a uzyskane wyniki są niespójne. W jednej z prac opublikowanych w 2013 r. ukazano, że w przypadku dwóch subpopulacji myszy realizujących ćwiczenia fizyczne zauważalny był wzrost kolonii bakterii z rodziny *Firmicutes*, *Bacilli*, oraz większości z *Lactobacillales*. W pracy z 2014 r., realizowanej także na modelu zwierzęcym, ujawniono iż ćwiczenia fizyczne przyczyniają się do spadku kolonii pałeczek Gram-ujemnych (G-) z rodzaju *Bacteroidetes*, podczas gdy zaobserwowano wzrost kolonizacji bakterii Gram-dodatnich (G+) typu *Firmicutes*, G- typu *Proteobacteria* i promieniowców G+ typu *Actinobacteria*. Chociaż wyniki analiz mikroflory jelitowej prowadzonych na różnych organizmach modelowych są niejednoznaczne, większość badań wykazała, iż po kilkutygodniowym treningu wytrzymałościowym, wzrasta poziom *Firmicutes*, a spada poziom *Bacteroidetes*, co zostało także zauważone u zawodników uprawiających sporty wytrzymałościowe.

Zaobserwowano ponadto, że w warunkach stresu indukowanego pracą mięśni szkieletowych zachodzą zmiany w metabolizmie żelaza. Żelazo jest jednym z ważniejszych czynników niezbędnych do wzrostu bakterii, dlatego zmiany w homeostazie żelaza gospodarza mogą wpływać na zawartość żelaza w jelicie, a tym samym na skład mikrobiomu. Potwierdziły to badania na modelu mysim, gdzie modyfikacji poddano gen odpowiedzialny za metabolizm żelaza (*Irp2*), co spowodowało znaczną zmianę mikrobiomu jelitowego. Jednak brak jest danych odnośnie wpływu ćwiczeń fizycznych na GM człowieka w kontekście możliwości wysiłkowych mięśni, w relacji z regulacją metabolizmu żelaza. Analogicznie jak brak danych odnośnie związku pomiędzy zawartością tkanki tłuszczowej i mięśni szkieletowych, a GM w kontekście odpowiedzi zapalnej indukowanej aktywnością fizyczną (w której zmiana stężenia wolnego żelaza jest znacząca). W niektórych pracach wykazano, że mikroflora jelitowa towarzysząca otyłości może znacząco przyczyniać się do przyrostu masy ciała gospodarza poprzez wzrost magazynowania energii i może prowadzić do indukowania stanu zapalnego w mechanizmie spadku integralności bariery jelitowej. Przekłada się to na zmiany stężenia hepcydyny, ferrytyny, transferryny oraz wolnego żelaza. Może to wpływać na różnorodną reakcję organizmu na wysiłek fizyczny, jak również na możliwość osiągnięcia wysokich wyników sportowych.

Ponieważ nadal brakuje informacji na temat korelacji składu GM człowieka z cechami klinicznymi, urazami tkanek miękkich indukowanych treningiem fizycznym, chcielibyśmy się skupić głównie na kwestii zmienności flory jelitowej w kontekście wieloletnich adaptacji treningowych występujących u sportowców. Głównym celem projektu jest szczegółowa charakterystyka mikroflory jelitowej za pomocą sekwencjonowania nowej generacji (NGS). Znaczna część badań poświęcona będzie określeniu tak zwanego "okna możliwości", które w tym kontekście oznacza czas, w którym obserwuje się zmianę mikroflory jelitowej, w świetle indukowanej odpowiedzi układu immunologicznego na określony typ urazu. Ponieważ istnieją pewne oznaki, że GM może być modyfikowany przez cfDNA, który znacząco wzrasta, np. w wyniku uszkodzenia tkanki, chcielibyśmy zbadać te korelacje głębiej pod względem rodzaju aktywności fizycznej i uszkodzenia tkanki. Może się to przyczynić do znalezienia nowych, użytecznych narzędzi w prognozowaniu występowania urazów sportowych. Ponadto wiedza na temat zmian zachodzących w metabolizmie żelaza może nam dać odpowiedź na temat roli mikrobiomu jelitowego w sporcie i aktywności fizycznej w kontekście homeostazy żelaza w organizmie. Ułatwi to udzielenie odpowiedzi, w jaki sposób zmiany stężenia żelaza mogą wpływać na ludzki mikrobiom i czy istnieje bezpośredni związek między stanem żelaza, a ludzkim mikrobiomem zarówno w populacji osób aktywnych jak i nieaktywnych fizycznie. Może to posłużyć również do identyfikacji gatunków przydatnych dla osiągnięć sportowych w kontekście stanu żelaza i stanu mikrobiomu. Dodatkowo badania te mogą przyczynić się do wprowadzenia nowych probiotyków stosowanych w zaburzeniach gospodarki żelaza lub/i potencjalnie wpływających na wyniki sportowe i przyczyniających się do spadku ryzyka urazów tkanek miękkich.