

УДК 575.1+612.744.2+612.76

## ПРИМЕНЕНИЕ ОМИКСНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В СИСТЕМЕ СПОРТИВНОЙ ПОДГОТОВКИ

*Е.А. Семенова<sup>1</sup>, Е.В. Валеева<sup>2</sup>, Е.А. Булыгина<sup>1</sup>,  
С.И. Губайдуллина<sup>3</sup>, И.И. Ахметов<sup>2,4,5</sup>*

<sup>1</sup>*Казанский (Приволжский) федеральный университет, г. Казань, 420008, Россия*

<sup>2</sup>*Казанский государственный медицинский университет, г. Казань, 420012, Россия*

<sup>3</sup>*Поволжская государственная академия физической культуры, спорта и туризма,  
г. Казань, 420010, Россия*

<sup>4</sup>*Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт физической культуры,  
г. Санкт-Петербург, 191040, Россия*

<sup>5</sup>*Федеральный научно-клинический центр физико-химической медицины ФМБА России,  
г. Москва, 119435, Россия*

### Аннотация

Расшифровка генома человека и дальнейшее развитие омиксных технологий открыли новые возможности в изучении молекулярных механизмов, лежащих в основе спортивного успеха. Согласно современным представлениям функциональной геномики считается, что индивидуальные различия в степени развития тех или иных физических и психических качеств, а также в подверженности к тем или иным заболеваниям спортсменов во многом обусловлены ДНК-полиморфизмами. Генетические маркеры, ассоциированные с развитием и проявлением физических качеств (быстрота, сила, выносливость, ловкость, гибкость), могут применяться в системе спортивного отбора, для уточнения спортивной специализации и для оптимизации тренировочного процесса. Другие молекулярные маркеры (метильные группы, транскрипты, теломеры, циркулирующие ДНК, метаболиты и др.) помимо прогноза спортивной успешности позволяют оценить текущее функциональное состояние спортсмена, включая явление перетренированности. Цель настоящего обзора – представить данные о возможностях применения геномных, эпигеномных, транскриптомных, протеомных и метаболомных методов в диагностике спортивной одаренности, оценке текущего функционального состояния спортсменов и при составлении персональных программ тренировок и питания.

**Ключевые слова:** полиморфизм ДНК, геном, эпигеном, транскриптом, протеом, метаболом, биомаркеры, теломеры, спортивный отбор

### Введение

Хорошо известно, что при неправильном выборе вида спорта происходит быстрая остановка роста спортивного мастерства в связи с исчерпанием генетического резерва организма. Очень многие способные атлеты ушли из спорта, не раскрыв своих возможностей, из-за того, что к ним была применена стандартная система подготовки, не учитывающая в должной мере их индивидуальные способности. В тех случаях, когда специалистам удавалось реализовать строго индивидуальную программу, спортсмены достигали выдающихся результатов.

Табл. 1

Особенности молекулярных методов

Уровень организации признака	Определяемый параметр	Методы анализа
Полиморфизм и мутации ДНК человека (геном)	Генотип	Полимеразная цепная реакция (ПЦР), ПЦР в реальном времени, секвенирование ДНК, таргетные панели, микрочипы
Метагеном (набор генов всех микроорганизмов, находящихся в окружающей человека среде)	Качественный и количественный состав микробного сообщества, ассоциированного с хозяином	ПЦР в реальном времени, секвенирование гена 16S рРНК сообщества, секвенирование сообщества методом shotgun
Эпигенетические изменения (эпигеном)	Эпигенетический профиль (степень метилирования, ацетилирования, фосфорилирования)	Бисульфитное секвенирование, ПЦР в реальном времени с последующим масс-спектрометрическим анализом, микрочипы, иммуноферментный анализ
Теломеры (концевые участки хромосом)	Длина теломер	ПЦР в реальном времени, флуоресцентная гибридизация in situ (Q-FISH), проточная цитометрия (flow-FISH)
Экспрессия генов (транскриптом)	Количество мРНК определенного гена	RNA-Seq, CAGE, SAGE, ПЦР в реальном времени, экспрессионные микрочипы
Регуляция экспрессии генов	Расположение регуляторных элементов	DNase-Seq, FAIRE-Seq, ChIP-Seq
Белковый профиль (протеом)	Количественный и качественный состав пептидов и белков	Масс-спектрометрия, высокоэффективная жидкостная хроматография, двумерный гель-электрофорез, белковые микрочипы
Метаболом	Количественный и качественный состав низкомолекулярных соединений	Масс-спектрометрия, ядерный магнитный резонанс

Существует множество классических методов определения спортивных задатков: педагогические, антропологические, физиологические, психологические, социологические и др. Вместе с тем расшифровка генома человека и дальнейшее развитие омиксных технологий открыли новые возможности в изучении молекулярных механизмов, лежащих в основе спортивного успеха (см. табл. 1).

Омиксные технологии – это комплекс современных молекулярных технологий, с помощью которых исследуется организм на самых разных уровнях, начиная со считывания генетической информации (геномика), выявления факторов регуляции экспрессии генов (эпигеномика), определения активности генов (транскриптомика) и их белковых продуктов (протеомика) и заканчивая определением состава и концентрации конечных продуктов распада (метабономика). Разработан широкий спектр современного омиксного биоинформатического программного обеспечения, позволяющего проводить обработку и интерпретацию

сверхбольших объемов взаимосвязанных данных. Биоинформатический подход способствует объединению разнородной биологической информации, собранной из различных «омиксов», в междисциплинарный концепт под названием «системная биология».

Цель настоящего обзора – представить данные о возможностях применения геномных, эпигеномных, транскриптомных, протеомных и метаболомных методов в диагностике спортивной одаренности, оценке текущего функционального состояния спортсменов и при составлении персональных тренировочных программ.

### **Генетические маркеры спортивной успешности и профессиональных патологий спортсменов**

Согласно современным представлениям функциональной геномики считается, что индивидуальные различия в степени развития тех или иных физических и психических качеств, а также в подверженности к тем или иным заболеваниям спортсменов во многом обусловлены ДНК-полиморфизмами, которых у человека насчитывается не менее 150 миллионов. В молекулярной генетике под термином «генетический маркер» понимается определенный аллель (вариант) гена (либо генотип, различные комбинации аллелей и генотипов), ассоциированный с предрасположенностью к развитию какой-либо патологии либо нормального признака (физические качества, биохимические, антропометрические, функциональные, психологические и другие показатели). Отличительной особенностью генетических маркеров, не меняющихся на протяжении всей жизни, является возможность их определения сразу после рождения ребенка (для этого достаточно сделать соскоб эпителиальных клеток ротовой полости), а значит, прогноз развития признаков, значимых в условиях спортивной деятельности, можно составить очень рано.

Генетические маркеры, ассоциированные с развитием и проявлением физических качеств (быстрота, сила, выносливость, ловкость, гибкость), могут применяться в системе спортивного отбора для уточнения спортивной специализации (например, подбор наиболее оптимальной дистанции в беге/плавании/конькобежном спорте и т. п.), для оптимизации тренировочного процесса (определение возможностей организма выполнять большие объемы нагрузок, акцентирование на развитии сильных сторон организма, выбор соревновательной тактики и т. п.). На данный момент обнаружено 155 генетических маркеров, ассоциированных с предрасположенностью к занятиям спортом [1]. Из них 93 связаны с видами спорта на выносливость (табл. 2) и 62 – со скоростно-силовыми видами (табл. 3).

Установлено, что чем большим числом благоприятных аллелей генов обладает индивид, тем выше его шансы стать высококвалифицированным спортсменом [2]. При этом важно отметить, что наиболее точное определение предрасположенности к спорту необходимо проводить на основе анализа максимального числа маркеров, в том числе фенотипических (антропометрия, функциональная диагностика, педагогические тесты и т. д.).

Табл. 2

Молекулярно-генетические маркеры выносливости

Ген	Локализация	Полиморфизм	Маркер выносливости
<i>ACE</i>	17q23.3	Alu I/D (rs4646994)	I
<i>ACOXL</i>	2q13	rs13027870 A/G	rs13027870 G
<i>ACTN3</i>	11q13.1	R577X (rs1815739 C/T)	577X
<i>ADRA2A</i>	10q24-q26	6.7/6.3 kb	6.7-kb
<i>ADRB1</i>	10q25.3	Ser49Gly (rs1801252 A/G)	49Gly
<i>ADRB2</i>	5q31-q32	Gly16Arg (rs1042713 G/A)	16Arg
<i>ADRB3</i>	8p12-8p11.1	Trp64Arg (rs4994 T/C)	64Arg
<i>AGTR2</i>	Xq22-q23	rs11091046 A/C	rs11091046 C
<i>AQP1</i>	7p14	rs1049305 C/G	rs1049305 C
<i>AMPD1</i>	1p13	Gln12X (rs17602729 C/T)	Gln12
<i>BDKRB2</i>	14q32.1-q32.2	+9/-9 (1-й экзон)	-9
		rs1799722 C/T	rs1799722 T
<i>CAMK1D</i>	10p13	rs11257754 A/G	rs11257754 A
<i>CKM</i>	19q13.32	rs8111989 A/G (NcoI)	rs8111989 A
<i>CLSTN2</i>	3q23	rs2194938 A/C	rs2194938 A
<i>COL5A1</i>	9q34.2-q34.3	rs12722 C/T (BstUI)	rs12722 T
		rs71746744 (AGGG/-)	rs71746744 AGGG
<i>COL6A1</i>	21q22.3	rs35796750 T/C	rs35796750 T
<i>CPQ</i>	8q22.2	rs6468527 A/G	rs6468527 A
<i>EPAS1 (HIF2A)</i>	2p21-p16	rs1867785 A/G	rs1867785 G
		rs11689011 C/T	rs11689011 T
<i>GABPB1 (NRF2)</i>	15q21.2	rs12594956 A/C	rs12594956 A
		rs8031031 C/T	rs8031031 T
		rs7181866 A/G	rs7181866 G
<i>GALM</i>	2p22.1	rs3821023 A/G	rs3821023 A
<i>GNB3</i>	2p13	rs5443 C/T (C825T)	rs5443 T
<i>GRM3</i>	7q21.1-q21.2	rs724225 A/G	rs724225 G
<i>HFE</i>	6p21.3	His63Asp (rs1799945 C/G)	63Asp
<i>HIF1A</i>	14q23.2	Pro582Ser (rs11549465 C/T)	Pro582
<i>IGF1R</i>	15q26.3	rs1464430 A/C	rs1464430 A
<i>IL15RA</i>	10p15.1	Asn146Thr (rs2228059 A/C)	146Thr
<i>ITPR1</i>	3p26.1	rs1038639 G/T	rs1038639 T
		rs2131458 C/T	rs2131458 T
<i>FMNL2</i>	2q23.3	rs12693407 A/G	rs12693407 G
<i>KCNJ11</i>	11p15.1	Glu23Lys (rs5219 C/T)	Glu23
<i>L3MBTL4</i>	18p11.31	rs17483463 C/T	rs17483463 T
<i>MCT1 (SLC16A1)</i>	1p12	Glu490Asp or A1470T (rs1049434 A/T)	Glu490
Маркеры митохондриальной ДНК	МтДНК	Однонуклеотидные полиморфизмы или гаплогруппы	G1
			H
			HV
			L0
			M*
			m.11215T, m.152C, m.15518T, m.15874G, m.4343G, m.514(CA) <sub>≤4</sub> , Поли(C ≥ 7) в локусе m.568-573

			m.16080G
			m.5178C
			N9
			V
			Неблагоприятный: В
			Неблагоприятный: К
			Неблагоприятный: J2
			Неблагоприятный: Т
			Неблагоприятный: L3*
<i>NALCN-AS1</i>	13q33.1	rs4772341 A/G	rs4772341 A
<i>NATD1</i>	17p11.2	rs732928 A/G	rs732928 G
<i>NFATC4</i>	14q11.2	Gly160Ala (rs2229309 G/C)	Gly160
<i>NFIA-AS2</i>	1p31.3	rs1572312 C/A	rs1572312 C
<i>NOS3</i>	7q36	Glu298Asp (rs1799983 G/T)	Glu298
		(CA) <sub>n</sub> повторы	164-п.н.
		27 п.н. повторы (4B/4A)	4B
		rs2070744 T/C (-786 T/C)	rs2070744 T
<i>PPARA</i>	22q13.31	rs4253778 G/C	rs4253778 G
<i>PPARD</i>	6p21.2–p21.1	rs2016520 T/C	rs2016520 C
		rs1053049 T/C	rs1053049 T
<i>PPARGC1A</i>	4p15.1	Gly482Ser (rs8192678 G/A)	Gly482
		rs4697425 A/G	rs4697425 A
<i>PPARGC1B</i>	5q32	Ala203Pro (rs7732671 G/C)	203Pro
		Arg292Ser (rs11959820 C/A)	292Ser
<i>PPP3CA</i>	4q24	rs3804358 C/G	rs3804358 C
<i>PPP3CB</i>	10q22.2	rs3763679 C/T	rs3763679 C
<i>PPP3R1</i>	2p15	5I/5D (промотор)	5I
<i>RBFOX1</i>	16p13.3	rs7191721 G/A	rs7191721 G
<i>SGMS1</i>	10q11.2	rs884880 A/C	rs884880 A
<i>SLC2A4</i>	17p13	rs5418 G/A	rs5418 A
<i>SOD2</i>	6q25.3	Ala16Val (rs4880 C/T)	C (Ala)
<i>SPOCK1</i>	5q31.2	rs1051854 G/T	rs1051854 T
<i>TFAM</i>	10q21	Ser12Thr (rs1937 G/C)	12Thr
<i>TPK1</i>	7q34–q35	rs10275875 C/T	rs10275875 T
<i>TSHR</i>	14q31	rs7144481 T/C	rs7144481 C
<i>UCP2</i>	11q13	Ala55Val (rs660339 C/T)	55Val
<i>UCP3</i>	11q13	rs1800849 C/T	rs1800849 T
<i>VEGFA</i>	6p12	rs2010963 G/C	rs2010963 C
<i>VEGFR2</i>	4q11–q12	His472Gln (rs1870377 T/A)	472Gln
Гаплогруппы Y-хромосомы	Y-chromosome	Гаплогруппы	E*, E3* and K*(xP)
			Неблагоприятный: E3b1
<i>ZNF429</i>	19p12	rs1984771 A/G	rs1984771 G

Согласно обнаруженным эффектам полиморфизмов генов выделяют аллели (маркеры), ограничивающие двигательную деятельность человека (маркеры адаптации сердечно-сосудистой системы к физическим нагрузкам, маркеры невосприимчивости (по ряду показателей) к физическим нагрузкам, маркеры посттравматических заболеваний головного мозга и патологий опорно-двигательного аппарата и др.) [3]. Следствием такого ограничения двигательной деятельности в лучшем случае является прекращение роста спортивных результатов, в худшем –

Табл. 3

Молекулярно-генетические маркеры скоростно-силовых качеств

Ген	Локализация	Полиморфизм	Маркер скоростно-силовых качеств
<i>ACE</i>	17q23.3	Alu I/D (rs4646994)	D
<i>ACTN3</i>	11q13.1	R577X (rs1815739 C/T)	Arg577
<i>ADRB2</i>	5q31–q32	Gly16Arg (rs1042713 G/A)	Gly16
		Gln27Glu (rs1042714 C/G)	27Glu
<i>AGT</i>	1q42.2	Met235Thr (rs699 T/C)	235Thr
<i>AGTR2</i>	Xq22–q23	rs11091046 A/C	rs11091046 A
<i>AMPD1</i>	1p13	Gln12X (rs17602729 C/T)	Gln12
<i>ARHGEF28</i>	5q13.2	rs17664695 A/G	rs17664695 G
<i>CACNG1</i>	17q24	Gly196Ser (rs1799938 G/A)	196Ser
<i>CALCR</i>	7q21.3	rs17734766 A/G	rs17734766 G
<i>CKM</i>	19q13.32	rs8111989 A/G (NcoI)	rs8111989 G
<i>CLSTN2</i>	3q23	rs2194938 A/C	rs2194938 C
<i>COTL1</i>	16q24.1	rs7458 C/T	rs7458 T
<i>CREM</i>	10p11.21	rs1531550 G/A	rs1531550 A
<i>DMD</i>	Xp21.2	rs939787 C/T	rs939787 T
<i>EPAS1(HIF2A)</i>	2p21–p16	rs1867785 A/G	rs1867785 G
		rs11689011 C/T	rs11689011 C
<i>FOCAD</i>	9p21	rs17759424 A/C	rs17759424 C
<i>GABRR1</i>	6q15	rs282114 A/G	rs282114 A
<i>GALNT13</i>	2q24.1	rs10196189 A/G	rs10196189 G
<i>GPC5</i>	13q32	rs852918 G/T	rs852918 T
<i>HIF1A</i>	14q21–q24	Pro582Ser (rs11549465 C/T)	582Ser
<i>HSD17B14</i>	19q13.33	rs7247312 A/G	rs7247312 G
<i>IGF1</i>	12q23.2	C-1245T (rs35767 C/T)	rs35767 T
<i>IGF1R</i>	15q26.3	rs1464430 A/C	rs1464430 C
<i>IL1RN</i>	2q14.2	VNTR 86-bp (2-интрон)	<i>IL1RN</i> *2
<i>IL6</i>	7p21	–174 C/G (rs1800795 C/G)	rs1800795 G
<i>IP6K3</i>	6p21.31	rs6942022 C/T	rs6942022 C
<i>MCT1 (SLC16A1)</i>	1p12	Glu490Asp or A1470T (rs1049434 A/T)	490Asp
<i>MED4</i>	13q14.2	rs7337521 G/T	rs7337521 T
<i>MPRIP</i>	17p11.2	rs6502557 A/G	rs6502557 A
Маркеры митохондриальной ДНК	МтДНК	Однонуклеотидные полиморфизмы или гаплогруппы	F
			m.204C
			m.151T
			m.15314A
			Non-L/U6
			Неблагоприятные: m.16278T, m.5601T, m.4833G, m.5108C, m.7600A, m.9377G, m.13563G, m.14200C, m.14569A
<i>MTHFR</i>	1p36.3	A1298C (rs1801131 A/C)	rs1801131 C
<i>MTR</i>	1q43	A2756G (rs1805087 A/G)	rs1805087 G
<i>MTRR</i>	5p15.31	A66G (rs1801394 A/G)	rs1801394 G
		rs2070744 T/C (–786 T/C)	rs2070744 T
<i>NOS3</i>	7q36	Glu298Asp (rs1799983 G/T)	Glu298
<i>NRG1</i>	8p12	rs17721043 A/G	rs17721043 A

<i>PPARA</i>	22q13.31	rs4253778 G/C	rs4253778 C
<i>PPARG</i>	3p25	Pro12Ala (rs1801282 C/G)	12Ala
<i>PPARGC1B</i>	5q32	rs10060424 C/T	rs10060424 C
<i>RC3H1</i>	1q25.1	rs767053 A/G	rs767053 G
<i>SOD2</i>	6q25.3	Ala16Val (rs4880 C/T)	C (Ala)
<i>SUCLA2</i>	13q14.2	rs10397 A/C	rs10397 A
<i>TPK1</i>	7q34–q35	rs10275875 C/T	rs10275875 C
<i>UCP2</i>	11q13	Ala55Val (rs660339 C/T)	Ala55
<i>VDR</i>	12q13.11	FokI f/F (rs10735810 T/C)	rs10735810 T
<i>WAPAL</i>	10q23.2	rs4934207 C/T	rs4934207 C
<i>ZNF423</i>	16q12	rs11865138 C/T	rs11865138 C

развитие патологических состояний, таких как, например, выраженная гипертрофия миокарда левого желудочка с исходом в сердечную недостаточность [4, 5].

В ближайшие годы в этом направлении ожидается большой прорыв, связанный с повсеместным применением полногеномного сканирования миллионов маркеров с помощью чипов, а также полноэкзомного и полногеномного секвенирования – высокотехнологичных методов, которые с каждым годом становятся все более дешевыми и доступными (падение себестоимости в миллионы раз). Это позволит определить значительную часть генетических маркеров (несколько тысяч), ассоциированных со спортивно-значимыми признаками, и, соответственно, повысить точность прогноза спортивного таланта.

### Фармакогенетика и нутригенетика

Одним из путей повышения эффективности и безопасности применения фармакологических средств в спорте является внедрение в практику технологий так называемой персонализированной (персонифицированной) медицины. В основе этих технологий – индивидуальный подход к выбору фармакологических средств и их режима дозирования с учетом факторов, влияющих на фармакологический ответ, которые имеются у конкретного спортсмена.

Известно, что индивидуальный фармакологический ответ зависит от множества факторов, таких как пол, возраст, сопутствующие заболевания, совместно применяемые фармпрепараты, характер питания, вредные привычки и т. д. Однако 50% неблагоприятных фармакологических ответов зависят от генетических особенностей индивида. Именно поэтому спортивная фармакогенетика предоставляет возможность индивидуализации выбора фармпрепаратов и их режимов дозирования на основании изучения генотипа конкретного спортсмена [6].

Кроме того, фармакологическое обеспечение процесса подготовки спортсменов подразумевает также применение биологически активных добавок к пище (нутрицевтики и парафармацевтики), поэтому в спортивной генетике начали использовать такие понятия, как нутригеномика и нутригенетика (с более широким смыслом). Нутригеномика описывает влияние компонентов пищи на экспрессию генов. Нутригенетика стремится понять, как генетический статус человека координирует ответ организма на пищу и позволяет определить оптимальную диету для конкретного человека на основе его генотипа. Здесь следует отметить, что помимо пищи на организм спортсмена в значительной степени влияет метагеном – совокупность всех генов микроорганизмов, обитающих в среде,

которая окружает человека (главным образом, микробное сообщество кишечника и кожи). Метагеном может существенно варьировать от человека к человеку и обуславливать особенности метаболизма (например, замедлять его и приводить к ожирению и другим патологиям либо активировать и повышать физическую работоспособность).

### Психогенетика

Соревновательная успешность спортсмена не может зависеть исключительно от деятельности мышечной, сердечно-сосудистой и дыхательной систем, а также от антропометрических и композиционных показателей. Устойчивость к психологическому стрессу, особенности темперамента и характера, координационные способности, способность к приему и переработке информации, умственные способности – далеко не полный перечень генетически детерминированных признаков (высшей нервной системы), в той или иной степени важных для осуществления успешной спортивной деятельности [6]. Поскольку эти признаки проявляются у людей по-разному (наличие индивидуальных различий), а каждому виду спорта должен соответствовать определенный психотип спортсмена (например, холерический темперамент спринтера и штангиста, пространственное мышление игрока, шахматиста, агрессивная игра хоккеиста и т. п.), то представляется важным выявление ДНК-полиморфизмов, ассоциированных с различными психическими качествами.

Современная спортивная деятельность предъявляет повышенные требования к различным формам подготовленности человека – физической, технической, тактической и психической. Именно сочетание высокого уровня проявления всех этих компонентов подготовленности позволяет спортсменам достигать высоких спортивных результатов. Определенные предпосылки создают для этого личностные черты человека (темперамент, степень нейротизма и экстраверсии и др.) и интеллектуальные способности [6], наследуемость которых варьирует от 30% до 50% [7, 8].

В настоящее время известно не менее 20 генетических маркеров, ассоциированных с психофизиологическими особенностями спортсменов. В основном в этот список входят гены, кодирующие биохимические нейромедиаторы (дофаминэргическая система – рецепторы дофамина DRD1, DRD2, DRD3, DRD4, DRD5, COMT; серотонинэргическая система – серотониновые пресинаптические и постсинаптические рецепторы 5HT1A и 5HT2A, MAOA, BDNF, 5HTTLPR, TPH1; норадреналиновая система – SLC6A2; стимулирующие и тормозящие медиаторы – CHRNA3, ADORA2A, EAAT, GABRG2) и некоторые гормоны. От активности этих генов зависят такие спортивно значимые признаки, как эмоциональное проявление, когнитивные способности, скорость ответной реакции, скорость психического утомления спортсмена при физических нагрузках, а также развитие перетренированности [9].

Спортивная психогенетика, определяя генетический потенциал спортсмена, с учетом текущих данных психологических и психофизиологических тестов может помочь ему на всех уровнях подготовки (моральная подготовка перед соревнованием, во время соревнования (умение контактировать в команде, тактика и мышление) и после финиша (реабилитация и дальнейшая работа)).

### **Роль эпигенетики в спортивных достижениях**

В процессе адаптации человека к физическим нагрузкам меняется активность генов: одни гены активируются, другие инактивируются. Наблюдаемые изменения активности генов лежат в основе клеточной дифференцировки в целом и в мышечной пластичности в частности. Обратимые изменения активности генов в тренировочном процессе индивида, не связанные с нарушением нуклеотидной последовательности ДНК, но приводящие к сохранению неактивного или активного состояния генов в ряду клеточных поколений, называют эпигенетическими. Неактивное состояние гена может быть обусловлено особой компактной структурой хроматина (гетерохроматина), которая образуется в результате взаимодействия ДНК со специфическими хромосомными белками (модификация гистонов). В некоторых случаях образование такой структуры хроматина объясняют метилированием ДНК, и, напротив, деметилирование ДНК может сопровождаться активацией гена.

Благодаря последним достижениям в области молекулярных технологий сегодня стало возможным определение эпигенетического статуса спортсмена, который может передаваться от поколения к поколению. Данный статус позволяет выявлять как активные, так и неактивные (метилированные) гены индивида, ответственные за развитие функций мышечной, сердечно-сосудистой и других систем организма, что важно для прогноза спортивных возможностей организма [10].

### **Изучение экспрессии генов у спортсменов (транскриптомика)**

Тренировки, направленные на развитие выносливости либо скоростно-силовых качеств, представляют собой разные по стимулам внешние воздействия, которые приводят к специфическим структурным и метаболическим сдвигам в скелетных мышцах. Однократная физическая нагрузка сопровождается изменением экспрессии сотен генов, которая приходит к исходному уровню через некоторое время. Долговременную адаптацию к тренировкам различной направленности, по-видимому, можно рассматривать как ответ организма на совокупность однократных физических нагрузок, которые приводят к глобальным изменениям в системе регуляции генной экспрессии. В некоторых исследованиях было установлено наличие стойкой экспрессии сотен генов у спортсменов и добровольцев в ответ на длительные физические нагрузки аэробного и анаэробного характера [11]. Определение транскрипционного профиля (активация каких генов и в какой степени) скелетных мышц позволит оценить, насколько эффективно происходит адаптация организма спортсменов к определенным физическим нагрузкам, а также прогнозировать их спортивную успешность.

### **Циркулирующие в крови ДНК**

Повышенные физические нагрузки у спортсменов нередко приводят к утомлению, состоянию переутомления и перетренированности. Это способствует длительному напряжению функциональных систем организма, накоплению усталости и недовосстановления организма, что рано или поздно влечет за собой развитие перетренированности. Стандартные биохимические маркеры

не обладают достаточной специфичностью и являются более информативными для мониторинга уже наступившего состояния переутомления и перетренированности, чем для ранней диагностики. Одним из перспективных биомаркеров, которые могут быть использованы для ранней диагностики и прогнозирования переутомления и перетренированности, являются циркулирующие в крови ДНК [12].

Интерес к циркулирующим в крови ДНК возрос после того, как выяснилось, что ее количество может существенно возрасти после выполнения физических нагрузок различной интенсивности и длительности. Это придало совершенно четкое практическое значение дальнейшему изучению циркулирующих нуклеиновых кислот в спорте. Циркулирующая ДНК может появляться в кровотоке в результате гибели ядродержащих клеточных элементов, созревания эритроцитов и тромбоцитов, а также активной секреции нуклеиновых кислот во внеклеточное пространство. В состоянии покоя содержание циркулирующей ДНК составляет 1.32–18.01 пкг/мкл (имеются индивидуальные различия), в то время как сразу после физической нагрузки ее уровень достигает  $334.4 \pm 139.41$  пкг/мкл. Предполагается, что появление циркулирующих ДНК в кровотоке в высокой концентрации на фоне напряженных длительных физических нагрузок может быть ранним признаком наступления состояния переутомления и перетренированности [12].

### **Протеомные технологии**

В последние годы для поиска новых биомаркеров, указывающих на изменения функционального состояния организма человека, все чаще используют постгеномные методы анализа, среди которых протеомные технологии занимают ведущие позиции [13]. Одним из подходов контроля организма спортсмена, подвергающегося интенсивным физическим нагрузкам, является оценка комплекса белков и пептидов, отвечающих за реализацию той или иной физиологической функции и находящихся в кровяном русле либо скелетных мышцах, в ходе физической нагрузки и в период восстановления и в сравнении с профилем человека, не занимающегося спортом.

Выявление различий в величине экспрессии белков при исследовании различных образцов в динамике на различных тренировочных этапах микро- и мезоциклов, при восстановительных мероприятиях позволяет анализировать отдельные клеточные функции и метаболические пути, вовлеченные в адаптационные процессы к физическим нагрузкам у спортсменов. В этом случае протеомные методы исследования существенно дополняют данные о транскриптоме конкретного спортсмена.

### **Метабомика**

Выполнение физических нагрузок различной интенсивности и продолжительности сопровождается изменениями в обмене веществ, что приводит к появлению в различных тканях и биологических жидкостях отдельных низкомолекулярных соединений – метаболитов, которые отражают функциональные изменения и могут служить биохимическими тестами либо показателями их

характеристики. Метаболом представляет собой полный набор метаболитов (таких как промежуточные продукты обмена веществ, гормоны и другие сигнальные молекулы и вторичные метаболиты), которые могут быть найдены в любом биологическом образце.

Определение метаболомных показателей позволяет решать следующие задачи комплексного обследования: контроль за функциональным состоянием спортсмена, которое отражает эффективность и рациональность выполняемой индивидуальной тренировочной программы, наблюдение за адаптационными изменениями основных энергетических систем и функциональной перестройкой организма в процессе тренировки, диагностика предпатологических и патологических изменений метаболизма спортсменов.

Метаболический контроль позволяет, кроме того, решать такие частные задачи, как выявление реакции организма на физические нагрузки, оценка уровня тренированности, адекватности применения фармакологических и других восстанавливающих средств, роли энергетических метаболических систем в мышечной деятельности, воздействия климатических факторов и др. В частности, в недавней работе [14] был определен ряд метаболитов (4-этилфенилсульфат, триптофан,  $\gamma$ -токоферол,  $\alpha$ -гидрокси-изовалерат и др.), на основании которых можно прогнозировать аэробные возможности человека.

### **Теломеразы, теломеры и спортивное долголетие**

Одним из открытых вопросов на сегодня остается поиск биологических маркеров спортивного долголетия. Теломераза – рибонуклеопротеин, который удлиняет концы хромосом (теломеры), укорачивающиеся при репликации ДНК. Активность теломеразы рассматривается как маркер продолжительности активного функционирования клетки и ее пролиферативного потенциала, а длина теломер – в качестве «клеточных часов», ограничивающих число возможных делений клетки. Предполагается, что чем активнее и длительнее функционирует система удлинения теломер в клетках, тем дольше спортсмен может поддерживать свои спортивные результаты на высоком уровне. У физически активных людей длина теломер лейкоцитов может быть на 200 нуклеотидов длиннее, чем у лиц, ведущих малоподвижный образ жизни [15].

Аэробные нагрузки приводят к увеличению активности теломеразы, количества теломеразной обратной транскриптазы в миокарде, лейкоцитах и эндотелиальных клетках и к предотвращению укорочения теломер в них. Кроме того, было установлено, что длина теломер положительно коррелирует с уровнем МПК у спортсменов, тренирующих выносливость [16]. При миопатическом синдроме усталости спортсменов средняя длина теломер в мышцах спортсменов меньше, чем у здоровых спортсменов, при этом у некоторых индивидов наблюдаются экстремально короткие теломеры, что может объясняться повышенной частотой регенерации мышц у интенсивно тренирующихся спортсменов [17]. Таким образом, для прогноза аэробных возможностей, патологий скелетных мышц и склонности к долгой спортивной карьере представляется перспективным использование информации о длине теломер и активности теломеразы у спортсменов.

**Применение молекулярной диагностики  
на этапах многолетней спортивной подготовки**

Необходимо отметить, что для любой методики спортивного отбора и ориентации существует свое наиболее оптимальное время применения в рамках многолетней подготовки спортсменов. В табл. 4 представлены возможности применения молекулярных и классических (антропометрических, психологических, физиологических, педагогических и др.) методов в системе спортивного отбора и ориентации в зависимости от этапа спортивной подготовки.

Табл. 4

Молекулярные и классические методы исследований, которые могут применяться на различных этапах спортивного отбора и ориентации

Этапы спортивного отбора и ориентации	Задачи спортивного отбора и ориентации [18]	Методы спортивного отбора и ориентации
Первичный	Установление целесообразности спортивного совершенствования в данном виде спорта	Геномные (анализ маркеров предрасположенности к спорту и развитию профессиональных патологий), антропометрические, психологические, педагогические
Предварительный	Выявлению способности к эффективному спортивному совершенствованию. Подбор спортивной специализации	Геномные (определение потенциала развития физических качеств; выявление слабых и сильных сторон организма), эпигеномные, психологические, психофизиологические, физиологические, педагогические
Промежуточный	Выявление способностей к достижению высоких спортивных результатов, перенесению высоких тренировочных и соревновательных нагрузок	Фармакогеномные, нутригеномные, метагеномные, стандартные биохимические методы, анализ циркулирующих в крови ДНК, педагогические, физиологические, психологические, психофизиологические
Основной	Установление способностей к достижению результатов международного класса. Разработка стратегии и тактики тренировочной и соревновательной деятельности	Транскриптомные, протеомные, метаболомные, стандартные биохимические, педагогические, физиологические, психологические, психофизиологические
Заключительный	Выявление способностей к сохранению достигнутых результатов и их повышению. Определение целесообразности продолжения спортивной карьеры	Определение длины теломер и активности теломеразы, транскриптомные, протеомные, метаболомные, стандартные биохимические, педагогические, физиологические, психологические, психофизиологические

### Заключение

Последние достижения в области молекулярной биологии и генетики открыли возможности для разработки новых подходов в спортивном отборе и ориентации, а также методов профилактики патологий, связанных со спортивной деятельностью. Уже сейчас в России и мире начинают закладываться основы принципиально новой системы медико-биологического обеспечения спорта, которая позволит поднять его на более высокий уровень, внедрить в практику основы профилактической медицины и генетики, активно помогать в планировании и коррекции тренировочного процесса.

### Литература

1. *Ahmetov I.I., Egorova E.S., Gabdrakhmanova L.J., Fedotovskaya O.N.* Genes and athletic performance: An update // *Med. Sport. Sci.* – 2016. – V. 61. – P. 41–54. – doi: 10.1159/000445240.
2. *Ahmetov I.I., Williams A.G., Popov D.V., Lyubaeva E.V., Hakimullina A.M., Fedotovskaya O.N., Mozhayskaya I.A., Vinogradova O.L., Astratenkova I.V., Montgomery H.E., Rogozkin V.A.* The combined impact of metabolic gene polymorphisms on elite endurance athlete status and related phenotypes // *Hum. Genet.* – 2009. – V. 126, No 6. – P. 751–761. – doi: 10.1007/s00439-009-0728-4.
3. *Ахметов И.И., Мустафина Л.Д., Насибулина Э.С.* Медико-генетическое обеспечение детско-юношеского спорта // *Практ. медицина.* – 2012. – Вып. 7. – С. 62–66.
4. *Ахметов И.И., Линде Е.В., Rogozkin B.A.* Ассоциация полиморфизмов генов–регуляторов с типом адаптации сердечно-сосудистой системы к физическим нагрузкам // *Вестн. спорт. науки.* – 2008. – Вып. 1. – С. 38–41.
5. *Линде Е.В., Ахметов И.И., Орджоникидзе З.Г., Астратенкова И.В., Федотова А.Г.* Клинико-генетические аспекты формирования «патологического спортивного сердца» у высококвалифицированных спортсменов // *Вестн. спорт. науки.* – 2009. – Вып. 2. – С. 32–37.
6. *Ахметов И.И.* Молекулярная генетика спорта. – М.: Сов. спорт, 2009. – 268 с.
7. *Plomin R., De Fries J.C., McClearn G. E., McGuffin P.* Behavioral genetics. – N. Y.: Worth Publ., 2008. – 560 p.
8. *Vukasović T., Bratko D.* Heritability of personality: A meta-analysis of behavior genetic studies // *Psychol. Bull.* – 2015. – V. 141, No 4. – P. 769–785. – doi: 10.1037/bul0000017.
9. *Тимофеева М.А., Малюченко Н.В., Куликова М.А., Шлепцова В.А., Щеголькова Ю.А., Ведяков А.М., Тоневцкий А.Г.* Перспективы изучения полиморфизмов ключевых генов нейромедиаторных систем. Сообщение II. Серотонинергическая система // *Физиология человека.* – 2008. – Т. 34, Вып. 3. – С. 114–124.
10. *Ehlert T., Simon P., Moser D.A.* Epigenetics in sports // *Sports Med.* – 2013. – V. 43, No 2. – P. 93–110. – doi: 10.1007/s40279-012-0012-y.
11. *Stepto N.K., Coffey V.G., Carey A.L., Ponnampalam A.P., Canny B.J., Powell D., Hawley J.A.* Global gene expression in skeletal muscle from well-trained strength and endurance athletes // *Med. Sci. Sports Exercise.* – 2009. – V. 41, No 3. – P. 546–565. – doi: 10.1249/MSS.0b013e31818c6be9.
12. *Breitbart S., Tug S., Simon P.* Circulating cell-free DNA: An up-coming molecular marker in exercise physiology // *Sports Med.* – 2012. – V. 42, No 7. – P. 565–586. – doi: 10.2165/11631380-000000000-00000.

13. Wu L., Candille S.I., Choi Y., Xie D., Jiang L., Li-Pook-Than J., Tang H., Snyder M. Variation and genetic control of protein abundance in humans // *Nature*. – 2013. – V. 499, No 7456. – P. 79–82. – doi: 10.1038/nature12223.
14. Lustgarten M.S., Price L.L., Logvinenko T., Hatzis C., Padukone N., Reo N.V., Phillips E.M., Kirn D., Mills J., Fielding R.A. Identification of serum analytes and metabolites associated with aerobic capacity // *Eur. J. Appl. Physiol.* – 2013. – V. 113, No 5. – P. 1311–1320. – doi: 10.1007/s00421-012-2555-x.
15. Cherkas L.F., Hunkin J.L., Kato B.S., Richards J.B., Gardner J.P., Surdulescu G.L., Kimura M., Lu X., Spector T.D., Aviv A. The association between physical activity in leisure time and leukocyte telomere length // *Arch. Intern. Med.* – 2008. – V. 168, No 2. – P. 154–158. – doi: 10.1001/archinternmed.2007.39.
16. Østhus I.B., Sgura A., Berardinelli F., Alsnes I.V., Brønstad E., Rehn T., Støbbakk P.K., Hatle H., Wisløff U., Nauman J. Telomere length and long-term endurance exercise: does exercise training affect biological age? A pilot study // *PLoS One*. – 2012. – V. 7, No 12. – Art. e52769, P. 1–5. – doi: 10.1371/journal.pone.0052769.
17. Collins M., Renault V., Grobler L.A., St Clair Gibson A., Lambert M.I., Wayne Derman E., Butler-Browne G.S., Noakes T.D., Mouly V. Athletes with exercise-associated fatigue have abnormally short muscle DNA telomeres // *Med. Sci. Sports Exerc.* – 2003. – V. 35, No 9. – P. 1524–1528.
18. Платонов В.Н. Система подготовки спортсменов в олимпийском спорте. Общая теория и ее практические приложения: учебник тренера высшей квалификации. – М.: Сов. спорт, 2005. – 820 с.

Поступила в редакцию  
27.03.17

---

**Семенова Екатерина Александровна**, аспирант Института фундаментальной медицины и биологии

Казанский (Приволжский) федеральный университет  
ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, 420008, Россия  
E-mail: [alecsekaterina@gmail.com](mailto:alecsekaterina@gmail.com)

**Валеева Елена Валерьевна**, младший научный сотрудник центральной научно-исследовательской лаборатории

Казанский государственный медицинский университет  
ул. Бутлерова, д. 49, г. Казань, 420012, Россия  
E-mail: [vevaleeva@ya.ru](mailto:vevaleeva@ya.ru)

**Булыгина Евгения Александровна**, младший научный сотрудник Openlab «Омиксные технологии» Института фундаментальной медицины и биологии

Казанский (Приволжский) федеральный университет  
ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, 420008, Россия  
E-mail: [boulygina@gmail.com](mailto:boulygina@gmail.com)

**Губайдуллина Светлана Ильшатовна**, младший научный сотрудник учебно-научного центра технологии подготовки спортивного резерва

Поволжская государственная академия физической культуры, спорта и туризма  
ул. Деревяя Универсиады, д. 35, г. Казань, 420010, Россия  
E-mail: [gubajdullina\\_svetlana@mail.ru](mailto:gubajdullina_svetlana@mail.ru)

**Ахметов Ильдус Ильясович**, доктор медицинских наук, заведующий отделом молекулярной генетики Центральной научно-исследовательской лаборатории; ведущий научный сотрудник сектора биохимии спорта; научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики человека

Казанский государственный медицинский университет  
ул. Бутлерова, д. 49, г. Казань, 420012, Россия

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт физической культуры  
 Лиговский пр., д. 56 литера «Е», г. Санкт-Петербург, 191040, Россия  
 Федеральный научно-клинический центр физико-химической медицины ФМБА России  
 ул. Малая Пироговская, д. 1а, г. Москва, 119435, Россия  
 E-mail: *genoterra@mail.ru*

ISSN 2542-064X (Print)  
 ISSN 2500-218X (Online)

UCHENYE ZAPISKI KAZANSKOGO UNIVERSITETA. SERIYA ESTESTVENNYE NAUKI  
 (Proceedings of Kazan University. Natural Sciences Series)

2017, vol. 159, no. 2, pp. 232–247

### Application of Omics Technologies in the System of Sports Training

*E.A. Semenova*<sup>a\*</sup>, *E.V. Valeeva*<sup>b\*\*</sup>, *E.A. Boulygina*<sup>a\*\*\*</sup>,  
*S.I. Gubaydullina*<sup>c\*\*\*\*</sup>, *I.I. Ahmetov*<sup>b,d,e\*\*\*\*</sup>

<sup>a</sup>*Kazan Federal University, Kazan, 420008 Russia*

<sup>b</sup>*Kazan State Medical University, Kazan, 420012 Russia*

<sup>c</sup>*Volga Region State Academy of Physical Culture, Sport and Tourism, Kazan, 420010 Russia*

<sup>d</sup>*St. Petersburg Research Institute of Physical Culture, St. Petersburg, 191040 Russia*

<sup>e</sup>*Federal Scientific Clinical Center for Physical and Chemical Medicine,*

*Federal Medical-Biological Agency of Russia, Moscow, 119435 Russia*

E-mail: <sup>\*</sup>*alecsekaterina@gmail.com*, <sup>\*\*</sup>*vevaleeva@yandex.ru*, <sup>\*\*\*</sup>*boulygina@gmail.com*,

<sup>\*\*\*\*</sup>*gubajdullina\_svetlana@mail.ru*, <sup>\*\*\*\*\*</sup>*genoterra@mail.ru*

Received March 27, 2017

#### Abstract

Deciphering the human genome, and further development of omics technologies, have opened new opportunities in studying the molecular mechanisms underlying the sport success. According to modern concepts of functional genomics, it is believed that individual differences in the degree of development of physical and mental qualities, as well as in the susceptibility to different diseases of athletes are largely due to DNA polymorphisms. Genetic markers associated with the development and manifestation of physical qualities (speed, strength, endurance, agility, flexibility) can be used in the sports selection system, to clarify sports specialization and to optimize the training process. Other molecular markers (methyl groups, transcripts, telomerase activity, telomeres, circulating DNA, metabolites, proteins, etc.) in addition to predicting athletic performance, allow assessing the current functional state of the athlete, including the phenomenon of overtraining. The purpose of this review is to provide data on the use of genomic, epigenetic, transcriptomic, proteomic and metabolic methods in sports talent identification, assessing the current functional status of athletes and in the prescription of personal training and nutrition programs. Future research, including multicentre genome-wide association studies and whole-genome sequencing in large cohorts of athletes with further validation and replication, will substantially contribute to the discovery of large numbers of the causal genetic variants (mutations and DNA polymorphisms) that would partly explain the heritability of athlete status and related phenotypes.

**Keywords:** DNA polymorphism, genome, epigenome, transcriptome, proteome, metabolome, biomarkers, telomeres, sports selection

#### References

1. Ahmetov I.I., Egorova E.S., Gabdrakhmanova L.J., Fedotovskaya O.N. Genes and athletic performance: An update. *Med. Sport Sci.*, 2016, vol. 61, pp. 41–54. doi: 10.1159/000445240.
2. Ahmetov I.I., Williams A.G., Popov D.V., Lyubaeva E.V., Hakimullina A.M., Fedotovskaya O.N., Mozhayskaya I.A., Vinogradova O.L., Astratenkova I.V., Montgomery H.E., Rogozkin V.A. The combined impact of metabolic gene polymorphisms on elite endurance athlete status and related phenotypes. *Hum. Genet.*, 2009, vol. 126, no. 6, pp. 751–761. doi: 10.1007/s00439-009-0728-4.

3. Ahmetov I.I., Mustafina LD, Nasibulina E.S. Medical genetic support of children's and youth sports. *Prakt. Med.*, 2012, vol. 7, pp. 62–66. (In Russian)
4. Ahmetov I.I., Linde E.V., Rogozkin V.A. Association of polymorphisms of gene-regulators with the type of adaptation of the cardiovascular system to physical exercise. *Vestn. Sportivnoi Nauki*, 2008, vol. 1, pp. 38–41. (In Russian)
5. Linde E.V., Ahmetov I.I., Ordzhonikidze Z.G., Astratenkova I.V., Fedotova A.G. Clinical and genetic aspects of the formation of a “pathological athlete's heart” in highly qualified athletes. *Vestn. Sportivnoi Nauki*, 2009, vol. 2, pp. 32–37. (In Russian)
6. Ahmetov I.I. *Molecular Genetics of Sport*. Moscow, Sov. Sport, 2009. 268 p. (In Russian)
7. Plomin R., De Fries J.C., McClearn G.E., McGuffin P. *Behavioral Genetics*. New York, Worth Publ., 2008. 560 p.
8. Vukasović T., Bratko D. Heritability of personality: A meta-analysis of behavior genetic studies. *Psychol. Bull.*, 2015, vol. 141, no. 4, pp. 769–785.
9. Timofeeva M.A., Maliuchenko N.V., Kulikova M.A., Shleptsova V.A., Shchegolkova Yu.A., VEDIKOV A.M., Tonevitsky A.G. Prospects of studying the polymorphisms of key genes of neurotransmitter systems: II. The serotonergic system. *Hum. Physiol.*, 2008, vol. 34, no. 3, pp. 363–372. doi: 10.1134/S0362119708030158.
10. Ehlert T., Simon P., Moser D.A. Epigenetics in sports. *Sports Med.*, 2013, vol. 43, no. 2, pp. 93–110. doi: 10.1007/s40279-012-0012-y.
11. Stepto N.K., Coffey V.G., Carey A.L., Ponnampalam A.P., Canny B.J., Powell D., Hawley J.A. Global gene expression in skeletal muscle from well-trained strength and endurance athletes. *Med. Sci. Sports Exercise*, 2009, vol. 41, no. 3, pp. 546–565. doi: 10.1249/MSS.0b013e31818c6be9.
12. Breitbach S., Tug S., Simon P. Circulating cell-free DNA: An up-coming molecular marker in exercise physiology. *Sports Med.*, 2012, vol. 42, no. 7, pp. 565–586. doi: 10.2165/11631380-000000000-00000.
13. Wu L., Candille S.I., Choi Y., Xie D., Jiang L., Li-Pook-Than J., Tang H., Snyder M. Variation and genetic control of protein abundance in humans. *Nature*, 2013, vol. 499, no. 7456, pp. 79–82. doi: 10.1038/nature12223.
14. Lustgarten M.S., Price L.L., Logvinenko T., Hatzis C., Padukone N., Reo N.V., Phillips E.M., Kirn D., Mills J., Fielding R.A. Identification of serum analytes and metabolites associated with aerobic capacity. *Eur. J. Appl. Physiol.*, 2013, vol. 113, no. 5, pp. 1311–1320. doi: 10.1007/s00421-012-2555-x.
15. Cherkas L.F., Hunkin J.L., Kato B.S., Richards J.B., Gardner J.P., Surdulescu G.L., Kimura M., Lu X., Spector T.D., Aviv A. The association between physical activity in leisure time and leukocyte telomere length. *Arch. Intern. Med.*, 2008, vol. 168, no. 2, pp. 154–158. doi: 10.1001/archinternmed.2007.39.
16. Østhus I.B., Sgura A., Berardinelli F., Alsnes I.V., Brønstad E., Rehn T., Støbakk P.K., Hatle H., Wisløff U., Nauman J. Telomere length and long-term endurance exercise: Does exercise training affect biological age? A pilot study. *PLoS One*, 2012, vol. 7, no. 12, art. e.52769, pp. 1–5. doi: 10.1371/journal.pone.0052769.
17. Collins M., Renault V., Grobler L.A., St Clair Gibson A., Lambert M.I., Wayne Derman E., Butler-Browne G.S., Noakes T.D., Mouly V. Athletes with exercise-associated fatigue have abnormally short muscle DNA telomeres. *Med. Sci. Sports Exercise*, 2003, vol. 35, no. 9, pp. 1524–1528.
18. Platonov V.N. *The System of Athletes Training in the Olympic Sport. The General Theory and Its Practical Applications: Handbook for Trainer of Highest Qualification*. Moscow, Sov. Sport, 2005. 820 p. (In Russian)

Для цитирования: Семенова Е.А., Валеева Е.В., Булыгина Е.А., Губайдуллина С.И., Ахметов И.И. Применение омиксных технологий в системе спортивной подготовки // Учен. зап. Казан. ун-та. Сер. Естеств. науки. – 2017. – Т. 159, кн. 2. – С. 232–247.

For citation: Semenova E.A., Valeeva E.V., Boulygina E.A., Gubaydullina S.I., Ahmetov I.I. Application of omics technologies in the system of sports training. *Uchenye Zapiski Kazanskogo Universiteta. Seriya Estestvennye Nauki*, 2017, vol. 159, no. 2, pp. 232–247. (In Russian)