



New Day in Medicine
Новый День в Медицине

NDM



TIBBIYOTDA YANGI KUN

Ilmiy referativ, marifiy-ma'naviy jurnal



AVICENNA-MED.UZ



ISSN 2181-712X.
EISSN 2181-2187

6 (92) 2026

Сопредседатели редакционной коллегии:

**Ш. Ж. ТЕШАЕВ,
А. Ш. РЕВИШВИЛИ**

Ред. коллегия:
М.И. АБДУЛЛАЕВ
А.А. АБДУМАЖИДОВ
Р.Б. АБДУЛЛАЕВ
Л.М. АБДУЛЛАЕВА
А.Ш. АБДУМАЖИДОВ
М.А. АБДУЛЛАЕВА
Х.А. АБДУМАДЖИДОВ
Б.З. АБДУСАМАТОВ
У.О. АБИДОВ
М.М. АКБАРОВ
Х.А. АКИЛОВ
М.М. АЛИЕВ
С.Ж. АМИНОВ
Ш.Э. АМОНОВ
Ш.М. АХМЕДОВ
Ю.М. АХМЕДОВ
С.М. АХМЕДОВА
Т.А. АСКАРОВ
М.А. АРТИКОВА
Д.Т. АШУРОВА
Ж.Б. БЕКНАЗАРОВ (главный редактор)
Е.А. БЕРДИЕВ
Б.Т. БУЗРУКОВ
Р.К. ДАДАБАЕВА
М.Н. ДАМИНОВА
К.А. ДЕХКОНОВ
Э.С. ДЖУМАБАЕВ
А.А. ДЖАЛИЛОВ
Н.Н. ЗОЛотова
А.Ш. ИНОЯТОВ
С. ИНДАМИНОВ
А.И. ИСКАНДАРОВ
А.С. ИЛЪЯСОВ
Э.Э. КОБИЛОВ
А.М. МАННАНОВ
Д.М. МУСАЕВА
Т.С. МУСАЕВ
М.Р. МИРЗОЕВА
Ф.Г. НАЗИРОВ
Н.А. НУРАЛИЕВА
Ф.С. ОРИПОВ
Б.Т. РАХИМОВ
Х.А. РАСУЛОВ
Ш.И. РУЗИЕВ
С.А. РУЗИБОЕВ
С.А. ГАФФОРОВ
С.Т. ШАТМАНОВ (Кыргызстан)
Ж.Б. САТТАРОВ
Б.Б. САФОВ (отв. редактор)
И.А. САТИВАЛДИЕВА
Ш.Т. САЛИМОВ
Д.И. ТУКСАНОВА
М.М. ТАДЖИЕВ
А.Ж. ХАМРАЕВ
Б.Б. ХАСАНОВ
Д.А. ХАСАНОВА
Б.З. ХАМДАМОВ
Э.Б. ХАККУЛОВ
Г.С. ХОДЖИЕВА
А.М. ШАМСИЕВ
А.К. ШАДМАНОВ
Н.Ж. ЭРМАТОВ
Б.Б. ЕРГАШЕВ
Н.Ш. ЕРГАШЕВ
И.Р. ЮЛДАШЕВ
Д.Х. ЮЛДАШЕВА
А.С. ЮСУПОВ
Ш.Ш. ЯРИКУЛОВ
М.Ш. ХАКИМОВ
Д.О. ИВАНОВ (Россия)
К.А. ЕГЕЗАРЯН (Россия)
DONG JINCHENG (Китай)
КУЗАКОВ В.Е. (Россия)
Я. МЕЙЕРНИК (Словакия)
В.А. МИТИШ (Россия)
В.И. ПРИМАКОВ (Беларусь)
О.В. ПЕШИКОВ (Россия)
А.А. ПОТАПОВ (Россия)
А.А. ТЕПЛОВ (Россия)
Т.Ш. ШАРМАНОВ (Казахстан)
А.А. ЩЕГОЛОВ (Россия)
С.Н. ГУСЕЙНОВА (Азербайджан)
Prof. Dr. KURBANHAN MUSLUMOV (Azerbaijan)
Prof. Dr. DENIZ UYAK (Germany)

ТИББИЁТДА ЯНГИ КУН НОВЫЙ ДЕНЬ В МЕДИЦИНЕ NEW DAY IN MEDICINE

*Илмий-рефератив, маънавий-маърифий журнал
Научно-реферативный,
духовно-просветительский журнал*

УЧРЕДИТЕЛИ:

**БУХАРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ
МЕДИЦИНСКИЙ ИНСТИТУТ
ООО «ТИББИЁТДА ЯНГИ КУН»**

Национальный медицинский
исследовательский центр хирургии имени
А.В. Вишневского является генеральным
научно-практическим
консультантом редакции

Журнал был включен в список журнальных
изданий, рецензируемых Высшей
Аттестационной Комиссией
Республики Узбекистан
(Протокол № 201/03 от 30.12.2013 г.)

РЕДАКЦИОННЫЙ СОВЕТ:

М.М. АБДУРАХМАНОВ (Бухара)
Г.Ж. ЖАРЫЛКАСЫНОВА (Бухара)
А.Ш. ИНОЯТОВ (Ташкент)
Г.А. ИХТИЁРОВА (Бухара)
Ш.И. КАРИМОВ (Ташкент)
У.К. КАЮМОВ (Тошкент)
Ш.И. НАВРУЗОВА (Бухара)
А.А. НОСИРОВ (Ташкент)
А.Р. ОБЛОКУЛОВ (Бухара)
Б.Т. ОДИЛОВА (Ташкент)
Ш.Т. УРАКОВ (Бухара)

6 (92)

2026

Июнь

www.bsmi.uz

<https://newdaymedicine.com>

E: ndmuz@mail.ru

Тел: +99890 8061882

УДК 616.379-008.64:616-056.52-07

SEMIZLIK VA QANDLI DIABET 2-TURI BILAN OG'RIGAN BEMORLAR KO'RSATKICHLARINING SOLISHTIRMA TAHLILI

Vafojev Shaxzod Farxod o'g'li <https://orcid.org/0009-0008-9571-3033>
Shagazatova Barno Xabibullayevna <https://orcid.org/0000-0002-0758-0410>

Toshkent Davlat Tibbiyot Universiteti, 100109 Toshkent, O'zbekiston Farobiy ko'chasi 2, Tel:
+998781507825 E-mail: info@tdmu.uz

✓ Rezyume

Semizlik hamda qandli diabet 2-turi (QD) bilan og'rigan bemorlarning davolashdan oldin antropometrik, lipid va ichak mikrobiotasi ko'rsatkichlarini tahlil qilish ushbu tadqiqotning maqsadi hisoblanadi. Tadqiqot material va metodlari. Tadqiqotga davolash boshlanishidan oldin tekshirilgan 75 nafar semizlik (GO'P-1 agonistlari va bariatrik jarrohlikka rejalashtirilgan) va 52 nafar qandli diabet (QD) 2-turi (metformin buyurilishidan oldingi) bemorlar kiritildi. Bel aylanasi, tana vazni indeksi (TVI), umumiy xolesterin, triglitseridlar, ZPLP- va ZYLP-xolesterin hamda najas mikrobiotasining 19 ta vakili (lg nusxa/ml) baholandi. Natijalar. Semizlik guruhida bel aylanasi, TVI, triglitseridlar va umumiy xolesterin ishonchli darajada yuqori bo'ldi (barchasi uchun $p < 0,05$; triglitseridlar uchun $d = 1,66$). QD guruhida esa enteropatogen *Escherichia coli*, *Klebsiella oxytoca*, *Candida* spp., *Enterococcus* spp. va *Lactobacillus* spp. miqdori yuqori bo'lib, opportunistik flora ustunligi qayd etildi. Eng axborotli yagona belgi triglitseridlar bo'ldi ($AUC = 0,908$). Mikrobiota ko'rsatkichlaridan tashkil topgan ko'p omilli model guruhlarini yuqori aniqlikda ajratdi ($AUC = 0,947$). Xulosa. Davolashdan oldingi bosqichda semizlik va QD ikkilasi ham turli metabolik-mikrobiologik fenotipni namoyon etadi: semizlikda metabolik-lipid yuklama, QD da esa ifodalangan disbioz ustunlik qiladi.

Kalit so'zlar: semizlik, qandli diabet 2-turi, ichak mikrobiotasi, disbioz, triglitseridlar, lipid profili, korrelyatsion tahlil, GO'P-1 agonistlari.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПОКАЗАТЕЛЕЙ У ПАЦИЕНТОВ С ОЖИРЕНИЕМ И САХАРНЫМ ДИАБЕТОМ 2 ТИПА

Вафоев Шахзод Фарходович <https://orcid.org/0009-0008-9571-3033>
Шагазатова Барно Хабибуллаевна <https://orcid.org/0000-0002-0758-0410>

Ташкентский государственный медицинский университет, 100109 Ташкент, Узбекистан,
ул. Фаробия, 2, Тел: +998781507825 E-mail: info@tdmu.uz

✓ Резюме

Целью данного исследования был анализ антропометрических, липидных параметров и параметров кишечной микробиоты у пациентов с ожирением и сахарным диабетом 2 типа (СД2) до начала лечения. Материалы и методы. В исследование были включены 75 пациентов с ожирением (планировалось применение агонистов GLP-1 и бариатрическая хирургия) и 52 пациента с сахарным диабетом 2 типа (до начала приема метформина), обследованных до начала лечения. Были оценены окружность талии, индекс массы тела (ИМТ), общий холестерин, триглицериды, ZPLP- и ZYLP-холестерин, а также 19 представителей фекальной микробиоты (мкг копий/мл). Результаты. Окружность талии, ИМТ, триглицериды и общий холестерин были значительно выше в группе пациентов с ожирением (все $p < 0,05$; $d = 1,66$ для триглицеридов). В группе QD наблюдалось высокое содержание энтеропатогенных *Escherichia coli*, *Klebsiella oxytoca*, *Candida* spp., *Enterococcus* spp. и *Lactobacillus* spp., а также преобладала условно-патогенная флора. Наиболее информативным показателем были триглицериды ($AUC = 0,908$). Многофакторная модель, включающая показатели микробиоты, позволила с высокой точностью разделить группы ($AUC = 0,947$). Вывод. На стадии до начала лечения как ожирение, так и QD демонстрируют различные метаболическо-микробиологические фенотипы: метаболическо-липидная нагрузка преобладает при ожирении, а дисбиоз — при QD.

Ключевые слова: ожирение, сахарный диабет 2 типа, кишечная микробиота, дисбиоз, триглицериды, липидный профиль, корреляционный анализ, агонисты GOR-1.

COMPARATIVE ANALYSIS OF INDICATORS IN PATIENTS WITH OBESITY AND TYPE 2 DIABETES

Vafoyev Shakhzod Farhod ugli <https://orcid.org/0009-0008-9571-3033>
Shagazatova Barno Khabibullayevna <https://orcid.org/0000-0002-0758-0410>

Tashkent State Medical University, 100109 Tashkent, Uzbekistan, 2 Farobiy Street,
Tel: +998781507825 E-mail: info@tdmu.uz

✓ Resume

*The aim of this study was to analyze anthropometric, lipid, and gut microbiota parameters before treatment in patients with obesity and type 2 diabetes (T2D). Methods. 75 patients with obesity (scheduled for GLP-1 receptor agonists and bariatric surgery) and 52 patients with T2DM (before metformin initiation) were examined prior to any treatment. Waist circumference, body mass index (BMI), total cholesterol, triglycerides, LDL- and HDL-cholesterol and 19 faecal microbiota taxa (log copy/ml). The obesity group showed significantly higher waist circumference, BMI, triglycerides and total cholesterol (all $p < 0.05$). The T2DM group exhibited higher enteropathogenic *Escherichia coli*, *Klebsiella oxytoca*, *Candida* spp., *Enterococcus* spp. and *Lactobacillus* spp., reflecting a predominance of opportunistic flora. Triglycerides were the best single discriminator (AUC=0.908); a multivariate microbiota model separated the groups with high accuracy (AUC=0.947). Conclusion. Before treatment, obesity and T2DM represent two distinct metabolic-microbiological phenotypes.*

Keywords: obesity, type 2 diabetes mellitus, gut microbiota, dysbiosis, triglycerides, lipid profile, correlation analysis, GLP-1 agonists.

Dolzarbligi

Semizlik va qandli diabet 2-turi (QD) zamonaviy tibbiyotning eng dolzarb muammolaridan biri bo'lib, ularning tarqalishi global miqyosda epidemiya darajasiga yetgan. Ushbu ikki holat patogenetik jihatdan chambarchas bog'liq: ortiqcha tana vazni insulina rezistentlikni kuchaytiradi va QD rivojlanishi uchun asosiy xavf omili hisoblanadi. So'nggi yillarda ichak mikrobiotasi metabolik kasalliklar patogenezidagi muhim ishtirokchi sifatida e'tirof etilmoqda — u energiya almashinuvi, surunkali yallig'lanish, ichak devori o'tkazuvchanligi va insulin sezgirligini boshqarishda ishtirok etadi [1, 2].

Disbioz, ya'ni ichak mikrobiotasi tarkibining buzilishi, ham semizlik, ham QD da kuzatiladi. Adabiyotlarda foydali simbiotik mikroorganizmlar — *Akkermansia muciniphila* va *Faecalibacterium prausnitzii* miqdorining kamayishi metabolik salomatlik buzilishining bioindikator sifatida qaraladi [6, 7]. Shu bilan birga, semizlik va QD ga xos mikrobiologik o'zgarishlar bir-biridan qanchalik farq qilishi va bu farqlar klinik-laborator ko'rsatkichlar bilan qanday bog'langanligi yetarlicha o'rganilmagan, ayniqsa davolash ta'sirini istisno qiluvchi davolashgacha bo'lgan bosqichda [3].

Bu masala amaliy ahamiyatga ega, chunki semizlik va QD ni davolashda qo'llaniladigan asosiy vositalar — glyukagonga o'xshash peptid-1 (GO'P-1) retseptori agonistlari, metformin va bariatrik jarrohlik — ichak mikrobiotasiga sezilarli ta'sir ko'rsatadi, jumladan *A. muciniphila* miqdorini oshiradi [5, 8, 9]. Shu sababli davolashgacha bo'lgan boshlang'ich (bazaviy) profilning aniq tavsifi keyingi terapevtik o'zgarishlarni baholash uchun zarur asos yaratadi.

Mazkur tadqiqotning maqsadi — semizlik va qandli diabet 2-turi bilan og'rigan bemorlarning davolashgacha bo'lgan antropometrik, lipid va ichak mikrobiotasi ko'rsatkichlarini qiyosiy tahlil qilish, ular o'rtasidagi korrelyatsion bog'liqliklarni aniqlash hamda ikki guruhni ajratishda eng axborotli belgilarni ROC-tahlil yordamida belgilashdan iborat.

Material va tadqiqot usullari

Tadqiqot dizayni va bemorlar. Qiyosiy tadqiqotga davolash boshlanishidan oldin tekshirilgan jami 127 nafar bemor kiritildi va ular ikki guruhga ajratildi. Birinchi guruhni GO'P-1 retseptori agonistlari hamda bariatrik jarrohlik bilan davolash rejalashtirilgan 75 nafar semizlik bemori tashkil etdi. Ikkinchi guruhga metformin tayinlanishidan oldingi 52 nafar QD bemori kiritildi. Muhim jihat: barcha ko'rsatkichlar har qanday dorilar yoki jarrohlik aralashuvigacha qayd etilgan, ya'ni tahlil faqat davolashgacha bo'lgan holatga taalluqlidir.

O'rganilgan ko'rsatkichlar. Antropometrik (bel aylanasi, sm; tana vazni indeksi — TVI, kg/m²) va lipid (umumiy xolesterin, triglitseridlar, past zichlikli lipoprotein xolesterini — ZPLP, yuqori zichlikli lipoprotein xolesterini — ZYLP; mmol/l) ko'rsatkichlari standart usullarda aniqlandi. Najas mikrobiotasi tarkibi miqdoriy baholanib, mikroorganizmlar miqdori 1 ml materialdagi koloniya hosil qiluvchi birliklar logarifmi (lg nusxa/ml) shaklida ifodalandi. Jami 19 ta taksonomik vakil — umumiy bakterial massa, simbiont (*Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Bacteroides* spp., *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Akkermansia muciniphila*) hamda opportunistik/patogen (enteropatogen *E. coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *K. oxytoca*, *Candida* spp., *Staphylococcus aureus*, *Clostridium difficile*, *C. perfringens*, *Proteus vulgaris/mirabilis*, *Citrobacter* spp., *Enterobacter* spp., *Enterococcus* spp.) flora baholandi. *C. difficile* va *C. perfringens* uchun «aniqlanmadi» qiymati biologik yo'qlik sifatida 0 ga tenglashtirildi.

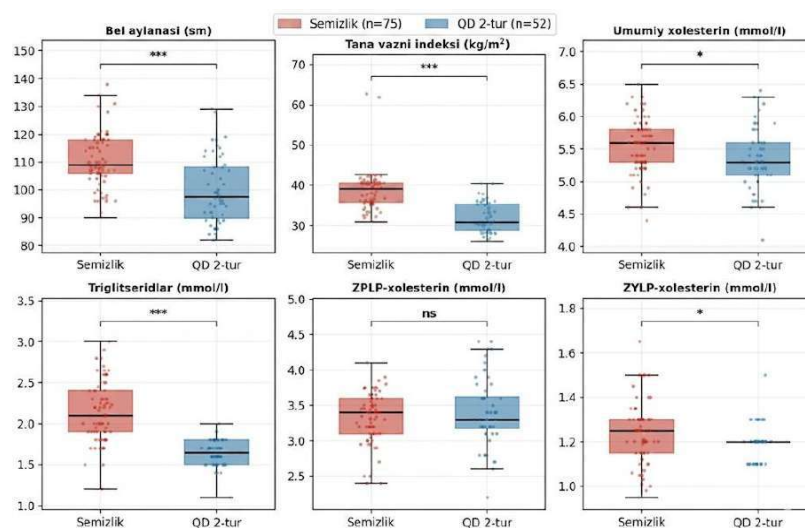
Statistik tahlil. Taqsimotning normalligi Shapiro–Uilk mezon bilan tekshirildi. Guruhlararo farqlar normal taqsimotda Student (Uelch) t-mezon, aks holda Mann–Uitni U-mezon bilan baholandi; ta'sir kattaligi Koen d ko'rsatkichi orqali hisoblandi. Ko'rsatkichlar orasidagi bog'liqlik Spearman korrelyatsiya koeffitsiyenti (ρ) bilan o'rganildi. Guruhlarni ajratish qobiliyati ROC-tahlil orqali aniqlanib, har bir belgi uchun egri chiziq osti maydoni (AUC), Yuden indeksi bo'yicha optimal chegaraviy qiymat, sezgirlik va o'ziga xoslik hisoblandi; ko'p omilli modellar logistik regressiya bilan qurildi. $p < 0,05$ statistik ishonchli deb qabul qilindi. Hisob-kitoblar Python 3 muhitida (SciPy, scikit-learn, pandas) bajarildi.

Natija va tahlillar

Antropometrik va lipid ko'rsatkichlar. Ikki guruhning antropometrik va lipid ko'rsatkichlari 1-jadvalda va 1-rasmda keltirilgan. Semizlik guruhida bel aylanasi ($110,99 \pm 9,86$ va $99,96 \pm 12,10$ sm; $p < 0,001$), TVI ($38,60 \pm 4,97$ va $32,14 \pm 3,74$ kg/m²; $p < 0,001$), umumiy xolesterin ($5,53 \pm 0,41$ va $5,35 \pm 0,48$ mmol/l; $p = 0,025$) hamda triglitseridlar ($2,13 \pm 0,36$ va $1,64 \pm 0,16$ mmol/l; $p < 0,001$) QD guruhiga nisbatan yuqori ishonchli bo'ldi. Eng katta farq triglitseridlar bo'yicha qayd etildi (Koen d=1,66 — juda kuchli). ZPLP-xolesterin bo'yicha guruhlar farq qilmadi ($p = 0,712$), ZYLP-xolesterin esa semizlik guruhida biroz yuqori bo'ldi ($p = 0,012$).

1-jadval. Semizlik va QD guruhlarining antropometrik va lipid ko'rsatkichlari

Ko'rsatkich	Semizlik (n=75)	QD (n=52)	p
Bel aylanasi, sm	$110,99 \pm 9,86$	$99,96 \pm 12,10$	$< 0,001$
TVI, kg/m ²	$38,60 \pm 4,97$	$32,14 \pm 3,74$	$< 0,001$
Umumiy xolesterin, mmol/l	$5,53 \pm 0,41$	$5,35 \pm 0,48$	0,025
Triglitseridlar, mmol/l	$2,13 \pm 0,36$	$1,64 \pm 0,16$	$< 0,001$
ZPLP-xolesterin, mmol/l	$3,33 \pm 0,35$	$3,40 \pm 0,48$	0,712
ZYLP-xolesterin, mmol/l	$1,24 \pm 0,13$	$1,20 \pm 0,08$	0,012

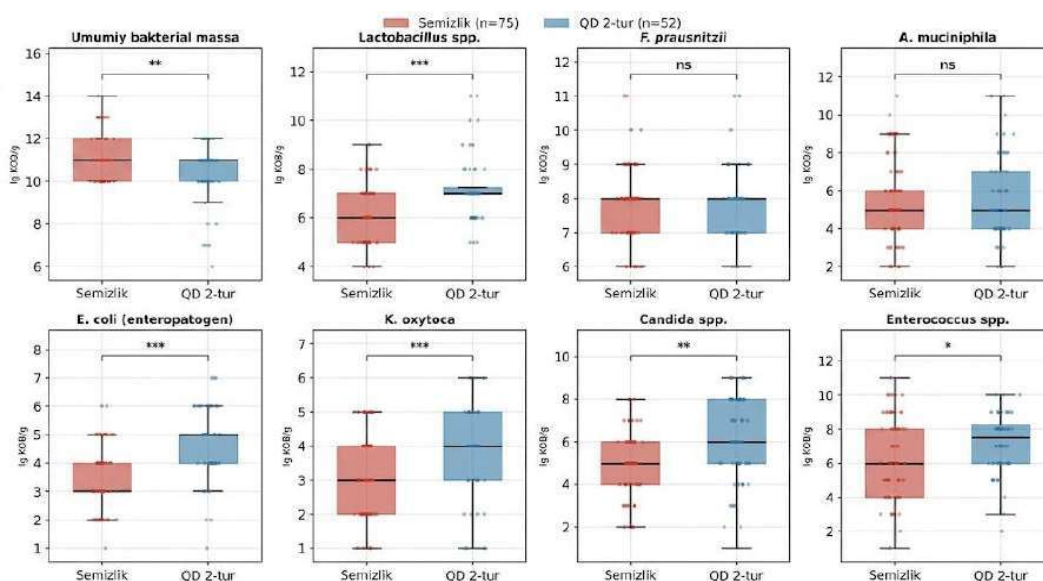


1-rasm. Antropometrik va lipid ko'rsatkichlarining guruhlararo taqsimoti (*** — $p < 0,001$; * — $p < 0,05$; ns — ishonchsiz).

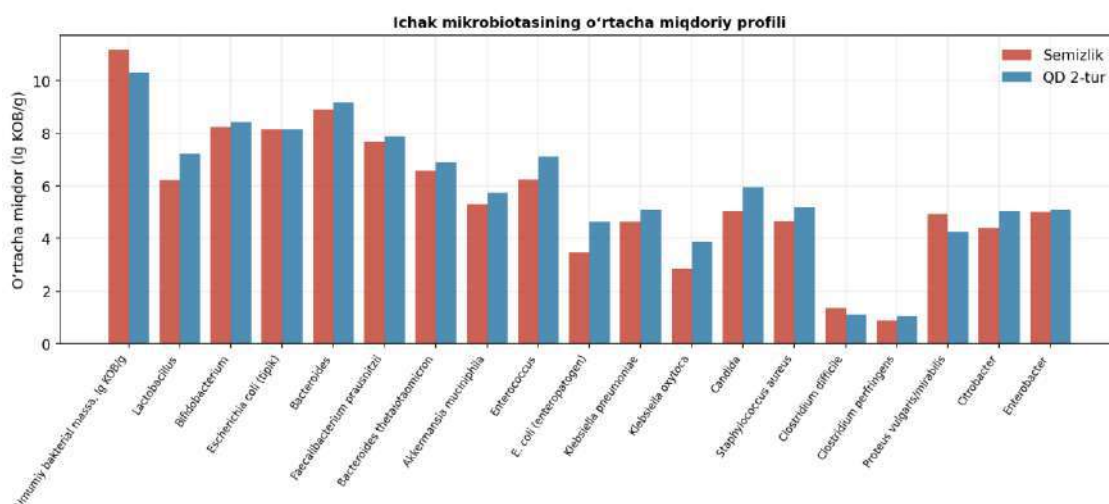
Ichak mikrobiotasi ko'rsatkichlari. Mikrobiota ko'rsatkichlari 2-jadval, 2- va 5-rasmlarda berilgan. Semizlik guruhida umumiy bakterial massa yuqori bo'ldi ($11,17 \pm 1,01$ va $10,29 \pm 1,46$ lg nusxa/ml; $p=0,002$). QD guruhida esa opportunistik va patogen flora ifodalangan tarzda ustunlik qildi: enteropatogen *E. coli* ($4,65 \pm 1,27$ va $3,48 \pm 1,17$; $p<0,001$), *Klebsiella oxytoca* ($3,87 \pm 1,25$ va $2,88 \pm 1,22$; $p<0,001$), *Candida* spp. ($5,94 \pm 2,03$ va $5,03 \pm 1,44$; $p=0,005$) va *Enterococcus* spp. ($7,12 \pm 1,83$ va $6,24 \pm 2,37$; $p=0,030$) miqdori yuqori bo'ldi. Shu bilan birga, QD guruhida *Lactobacillus* spp. ham yuqori bo'ldi ($7,21 \pm 1,30$ va $6,23 \pm 1,12$; $p<0,001$). *Proteus vulgaris/mirabilis* aksincha semizlik guruhida ko'proq qayd etildi ($p=0,004$). Foydali simbiotlar — *Bifidobacterium* spp., *Bacteroides* spp., *Faecalibacterium prausnitzii*, *B. thetaiotaomicron* va *Akkermansia muciniphila* bo'yicha ikki guruh o'rtasida ishonchli farq topilmadi (barchasi uchun $p>0,05$).

2-jadval. Ichak mikrobiotasi vakillarining guruhlararo qiyosi (lg nusxa/ml)

Mikroorganizm	Semizlik (n=75)	QD (n=52)	p
Umumiy bakterial massa	$11,17 \pm 1,01$	$10,29 \pm 1,46$	0,002
<i>Lactobacillus</i> spp.	$6,23 \pm 1,12$	$7,21 \pm 1,30$	<0,001
<i>Bifidobacterium</i> spp.	$8,23 \pm 1,07$	$8,42 \pm 1,21$	0,102
<i>Escherichia coli</i> (tipik)	$8,16 \pm 1,13$	$8,15 \pm 1,09$	0,888
<i>Bacteroides</i> spp.	$8,91 \pm 1,21$	$9,17 \pm 1,08$	0,155
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	$7,68 \pm 1,14$	$7,90 \pm 1,01$	0,212
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	$6,57 \pm 1,96$	$6,90 \pm 2,29$	0,343
<i>Akkermansia muciniphila</i>	$5,31 \pm 2,20$	$5,73 \pm 2,26$	0,339
<i>Enterococcus</i> spp.	$6,24 \pm 2,37$	$7,12 \pm 1,83$	0,030
<i>E. coli</i> (enteropatogen)	$3,48 \pm 1,17$	$4,65 \pm 1,27$	<0,001
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	$4,64 \pm 1,24$	$5,12 \pm 1,62$	0,124
<i>Klebsiella oxytoca</i>	$2,88 \pm 1,22$	$3,87 \pm 1,25$	<0,001
<i>Candida</i> spp.	$5,03 \pm 1,44$	$5,94 \pm 2,03$	0,005
<i>Staphylococcus aureus</i>	$4,67 \pm 1,31$	$5,17 \pm 1,71$	0,091
<i>Clostridium difficile</i>	$1,37 \pm 1,29$	$1,12 \pm 0,81$	0,680
<i>Clostridium perfringens</i>	$0,88 \pm 0,64$	$1,04 \pm 0,79$	0,299
<i>Proteus vulgaris/mirabilis</i>	$4,93 \pm 1,46$	$4,25 \pm 1,19$	0,004
<i>Citrobacter</i> spp.	$4,40 \pm 1,65$	$5,04 \pm 1,69$	0,075
<i>Enterobacter</i> spp.	$5,00 \pm 1,60$	$5,10 \pm 1,73$	0,928



2-rasm. Eng diagnostik ahamiyatga ega mikrobiota vakillarining guruhlararo taqsimoti.

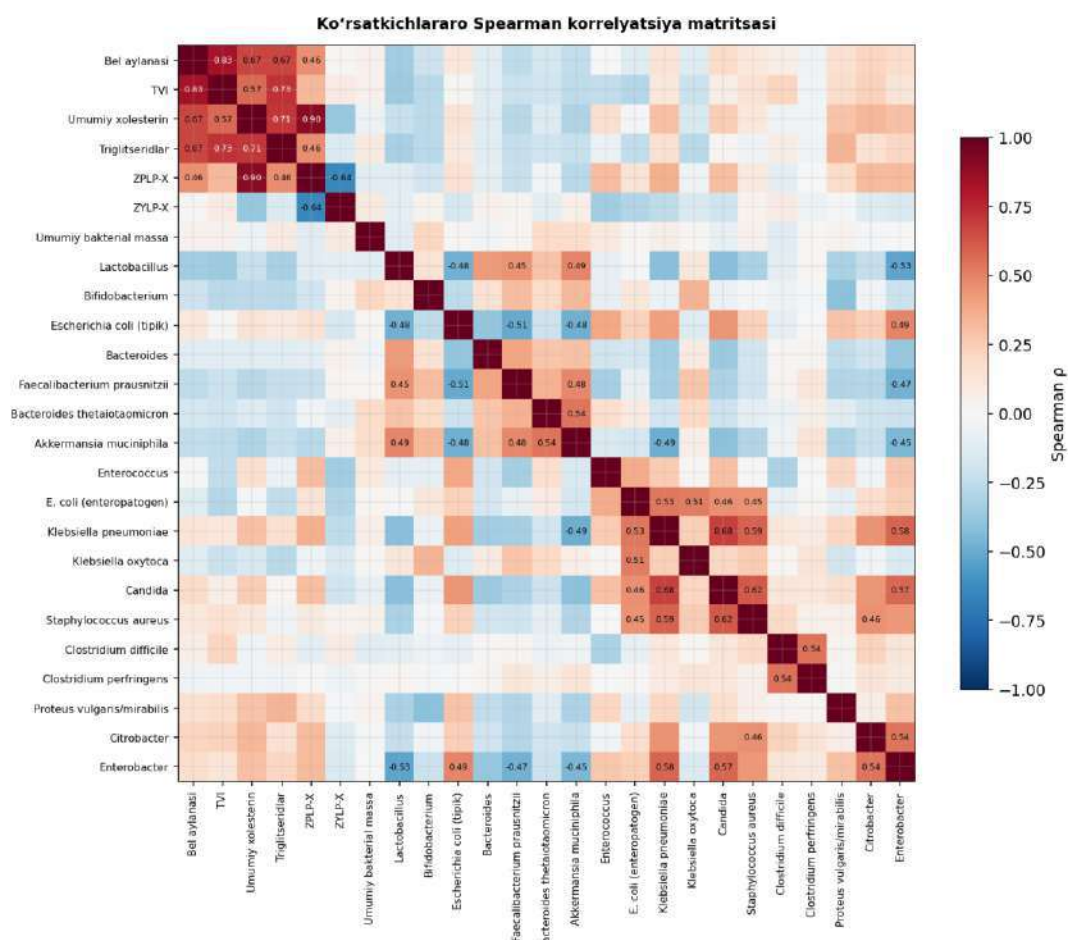


5-rasm. Ikki guruhda ichak mikrobiotasining o'rtacha miqdoriy profili.

Korrelyatsion tahlil. Spearman korrelyatsiya matritsasi (3-rasm) ko'rsatkichlar orasida uchta yaqqol klasterini ochib berdi. Birinchisi — metabolik klaster: umumiy xolesterin bilan ZPLP ($\rho=+0,90$), bel aylanasi bilan TVI ($\rho=+0,83$), TVI bilan triglitseridlar ($\rho=+0,73$) hamda umumiy xolesterin bilan triglitseridlar ($\rho=+0,71$) o'rtasida kuchli musbat bog'liqlik qayd etildi; ZPLP bilan ZYLP o'rtasida esa manfiy bog'liqlik ($\rho=-0,64$) aniqlandi. Ikkinchisi — opportunistik patogenlar klasteri: Klebsiella pneumoniae–Candida ($\rho=+0,68$), Candida–S. aureus ($\rho=+0,62$), K. pneumoniae–S. aureus ($\rho=+0,59$) va K. pneumoniae–Enterobacter ($\rho=+0,58$) o'rtasidagi birgalikda uchrash disbiozning yagona modulni aks ettiradi. Uchinchisi — simbiot klaster: B. thetaiotaomicron–A. muciniphila ($\rho=+0,54$), Lactobacillus–A. muciniphila ($\rho=+0,49$); shu bilan birga Lactobacillus bilan Enterobacter ($\rho=-0,53$) hamda tipik E. coli bilan F. prausnitzii ($\rho=-0,51$) o'rtasida manfiy munosabatlar foydali va shartli-patogen flora o'rtasidagi antagonizmni ko'rsatadi.

3-jadval. Eng kuchli statistik ishonchli korrelyatsiyalar (Spearman, $|\rho|\geq 0,45$)

1-ko'rsatkich	2-ko'rsatkich	ρ	p
Umumiy xolesterin, mmol/l	ZPLP-xolesterin, mmol/l	0,90	<0,001
Bel aylanasi, sm	TVI, kg/m ²	0,83	<0,001
TVI, kg/m ²	Triglitseridlar, mmol/l	0,73	<0,001
Umumiy xolesterin, mmol/l	Triglitseridlar, mmol/l	0,71	<0,001
Klebsiella pneumoniae	Candida spp.	0,68	<0,001
Bel aylanasi, sm	Umumiy xolesterin, mmol/l	0,67	<0,001
Bel aylanasi, sm	Triglitseridlar, mmol/l	0,67	<0,001
ZPLP-xolesterin, mmol/l	ZYLP-xolesterin, mmol/l	-0,64	<0,001
Candida spp.	Staphylococcus aureus	0,62	<0,001
Klebsiella pneumoniae	Staphylococcus aureus	0,59	<0,001
Klebsiella pneumoniae	Enterobacter spp.	0,58	<0,001
Candida spp.	Enterobacter spp.	0,57	<0,001
TVI, kg/m ²	Umumiy xolesterin, mmol/l	0,57	<0,001
Clostridium difficile	Clostridium perfringens	0,54	<0,001
Bacteroides thetaiotaomicron	Akkermansia muciniphila	0,54	<0,001
Citrobacter spp.	Enterobacter spp.	0,54	<0,001

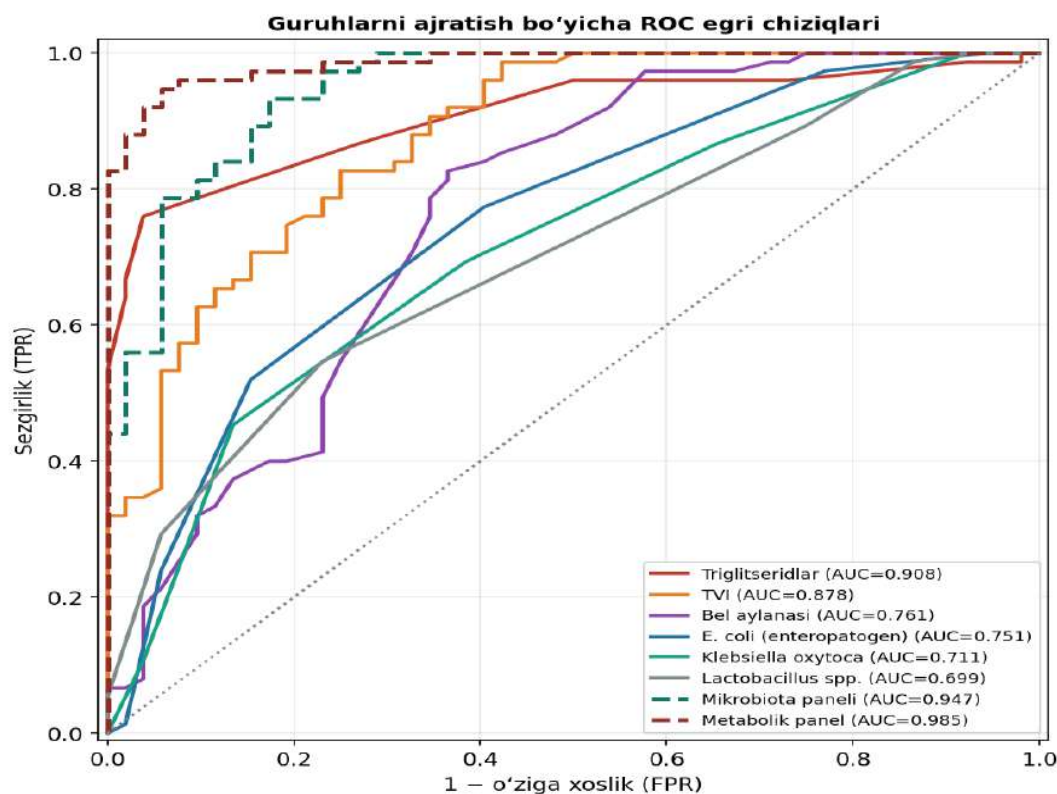


3-rasm. Ko'rsatkichlararo Spearman korrelyatsiya matritsasi (umumiy bemorlar, n=127).

ROC-tahlil: guruhlarni ajratuvchi belgilar. Guruhlarni (semizlik — musbat sinf) ajratish qobiliyati ROC-tahlil orqali baholandi (4-jadval, 4-rasm). Yagona ko'rsatkichlar ichida eng yuqori ajratish qobiliyatiga triglitsidlar ega bo'ldi (AUC=0,908; chegara 1,90 mmol/l; sezgirlik 0,76; o'ziga xoslik 0,96), undan keyin TVI (AUC=0,878) va bel aylanasi (AUC=0,761) keldi. Mikrobiologik belgilardan enteropatogen *E. coli* (AUC=0,751), *Klebsiella oxytoca* (AUC=0,711) va *Lactobacillus* spp. (AUC=0,699) eng axborotli bo'ldi — bu ko'rsatkichlar QD guruhida yuqori bo'lgani sababli ajratish yo'nalishi teskari («semizlik <») hisoblanadi. Ko'p omilli modellar yanada yuqori natija berdi: faqat mikrobiota ko'rsatkichlaridan qurilgan model AUC=0,947 ni, metabolik ko'rsatkichlar paneli esa AUC=0,985 ni tashkil etdi. Bu ichak mikrobiotasi profilining o'zi ham ikki metabolik fenotipni yuqori aniqlikda ajratishga qodirligini ko'rsatadi.

4-jadval. Guruhlarni ajratish bo'yicha ROC-tahlil natijalari (AUC kamayish tartibida)

Ko'rsatkich	AUC	Chegara	Yo'nalish	Sezg.	O'z. xos.
Triglitsidlar, mmol/l	0,908	1,90	Semizlik >	0,76	0,96
TVI, kg/m ²	0,878	35,20	Semizlik >	0,83	0,75
Bel aylanasi, sm	0,761	103,00	Semizlik >	0,83	0,63
<i>E. coli</i> (enteropatogen)	0,751	4,00	Semizlik <	0,77	0,60
<i>Klebsiella oxytoca</i>	0,711	2,00	Semizlik <	0,45	0,87
<i>Lactobacillus</i> spp.	0,699	6,00	Semizlik <	0,55	0,77
Umumiy bakterial massa, lg nusxa/ml	0,651	11,00	Semizlik >	0,73	0,46
<i>Proteus vulgaris/mirabilis</i>	0,646	6,00	Semizlik >	0,40	0,96
<i>Candida</i> spp.	0,646	6,00	Semizlik <	0,87	0,44
Umumiy xolesterin, mmol/l	0,633	5,30	Semizlik >	0,79	0,46
ZYLP-xolesterin, mmol/l	0,629	1,21	Semizlik >	0,59	0,83
<i>Enterococcus</i> spp.	0,613	5,00	Semizlik <	0,43	0,81



4-rasm. Eng axborotli belgilar va ko'p omilli modellar uchun ROC egri chiziqlari.

Mazkur tadqiqot semizlik va QD ikki o'ziga xos metabolik-mikrobiologik fenotipdagi o'zgarishlarni solishtirma tahlil qiladi. Semizlik guruhi yuqori antropometrik yuklama (bel aylanasi, TVI) va aterogen dislipidemiya (yuqori triglitseridlar va umumiy xolesterin) bilan tavsiflandi. Triglitseridlarning sezilarli darajada oshishi ($d=1,66$) va uning eng yuqori ajratuvchi qobiliyati ($AUC=0,908$) ortiqcha tana vazni bilan bog'liq insulinrezistentlik dislipidemiyaning yaqqol ifodasi sifatida talqin qilinadi va adabiyot ma'lumotlariga mos keladi [1, 2].

QD guruhida esa opportunistik va shartli-patogen floraning ustunligi — enteropatogen *E. coli*, *K. oxytoca*, *Candida* spp. va *Enterococcus* spp. miqdorining oshishi va yaxshi floraning *Akkermansia muciniphila*, *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp. lar miqdorining kamayishi disbiozning ifodalangan ko'rinishi hisoblanadi. Korrelyatsion tahlilda bu mikroorganizmlarning yagona klasterga birlashishi disbiozning o'zaro bog'langan funksional modul sifatida namoyon bo'lishini tasdiqlaydi. Bunday proteobakterial va zamburug'li flora kuchayishi ichak devori o'tkazuvchanligini oshirish va metabolik endotoksemiya orqali insulinga rezistentlikni kuchaytirishi mumkinligi haqidagi tasavvurlarga mos keladi [2, 3].

E'tiborga molik holat — *Lactobacillus* spp. miqdorining semizlik guuhiga nisbatan biroz QD guruhida yuqoriligi. Ba'zi laktobatsilla turlari uglevod almashinuvi va parhez xususiyatlari bilan bog'liq bo'lishi mumkin. Foydali simbiotlar (*A. muciniphila*, *F. prausnitzii*, *Bifidobacterium*) bo'yicha guruhlararo ishonchli farq topilmasligi har ikki guruhda ham bu taksonlarning sog'lom shaxslarga nisbatan kamaygan bo'lishi mumkinligini taxmin qilishga asos beradi [6, 7].

Ko'p omilli mikrobiota modelining yuqori ajratish qobiliyati ($AUC=0,947$) davolash strategiyasini tanlash nuqtai nazaridan ahamiyatlidir, chunki GO'P-1 agonistlari, metformin va bariatrik jarrohlik mikrobiotani turlicha — jumladan *A. muciniphila* miqdorini oshirish orqali — modulyatsiya qiladi [5, 8, 9, 10, 11]. Shu sababli davolashgacha bo'lgan bazaviy profilning aniq tavsifi keyingi terapevtik dinamikani baholash uchun zarur asos bo'lib xizmat qiladi.

Xulosa

Semizlik va qandli diabet 2-turi guruhlarida farqli metabolik-mikrobiologik profillarni namoyon etadi: semizlikda metabolik-lipid yuklama (yuqori bel aylanasi, TVI, triglitseridlar va umumiy xolesterin), QD da esa opportunistik floraning ustunligi (disbioz) ifodalangan. Triglitseridlar ikki

guruhni ajratuvchi eng axborotli yagona ko'rsatkich bo'ldi (AUC=0,908; chegara 1,90 mmol/l). Bemorlarda umumiy bakterial massa, simbiot (*Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Bacteroides* spp., *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Akkermansia muciniphila*) larning kamayishi, hamda opportunistik/patogen (enteropatogen *E. coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *K. oxytoca*, *Candida* spp., *Staphylococcus aureus*, *Clostridium difficile*, *C. perfringens*, *Proteus vulgaris/mirabilis*, *Citrobacter* spp., *Enterobacter* spp., *Enterococcus* spp.) floraning oshishi aniqlandi. Ko'rsatkichlar o'rtasida uchta korrelyatsion klaster — metabolik, opportunistik-patogen va simbiot klasterlar — aniqlandi; foydali va shartli-patogen flora o'rtasida antagonistik munosabatlar kuzatildi.

ADABIYOTLAR RO'YXATI:

1. Zhang Y, Wang H, Huang X, Xing M, Wong A, Suo H, et al. Gut microbiota and therapy for obesity and type 2 diabetes. *Front Endocrinol (Lausanne)*. 2024;15:1333778. doi:10.3389/fendo.2024.1333778.
2. Sasidharan Pillai S, Nair AT, Raghavan R, et al. Exploring the gut microbiota: key insights into its role in obesity, metabolic syndrome, and type 2 diabetes. *J Clin Endocrinol Metab*. 2024;109(11):2709-2726. doi:10.1210/clinem/dgae499.
3. Alterations in the gut microbiota composition in obesity with and without type 2 diabetes: a pilot study. *Diabetes Metab Syndr Obes*. 2024;17:3965-3974. doi:10.2147/DMSO.S477494.
4. Niu X, Lu P, Huang L, Sun Y, Jin M, Liu J, et al. The effect of metformin combined with liraglutide on gut microbiota of Chinese patients with type 2 diabetes. *Int Microbiol*. 2024;27:265-276. doi:10.1007/s10123-023-00380-y.
5. Crosstalk between glucagon-like peptide 1 and gut microbiota in metabolic diseases. 2024. PMID: PMC10790698.
6. Niu H, Zhou M, Zogona D, Xing Z, Wu T, Chen R, et al. *Akkermansia muciniphila*: a potential candidate for ameliorating metabolic diseases. *Front Immunol*. 2024;15:1370658. doi:10.3389/fimmu.2024.1370658.
7. Cani PD, Depommier C, Derrien M, Everard A, de Vos WM. *Akkermansia muciniphila*: paradigm for next-generation beneficial microorganisms. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*. 2022;19(10):625-637. doi:10.1038/s41575-022-00631-9.
8. Effects of GLP-1 analogues and agonists on the gut microbiota: a systematic review. *Nutrients*. 2025;17(8):1303. doi:10.3390/nu17081303.
9. GLP-1 receptor agonists as an adjunct to bariatric surgery for weight loss and metabolic outcome improvement: a systematic review and meta-analysis. *Langenbecks Arch Surg*. 2025;410. doi:10.1007/s00423-025-03831-4.
10. Lin K, Mehrotra A, Tsai TC. Metabolic bariatric surgery in the era of GLP-1 receptor agonists for obesity management. *JAMA Netw Open*. 2024;7(10):e2441380. doi:10.1001/jamanetworkopen.2024.41380.
11. Li H, Wang XK, Tang M, et al. *Bacteroides thetaiotaomicron* ameliorates mouse hepatic steatosis through regulating gut microbial composition, gut-liver folate and unsaturated fatty acids metabolism. *Gut Microbes*. 2024;16(1):2304159. doi:10.1080/19490976.2024.2304159

Qabul qilingan sana 20.05.2026