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

9 (95) 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. ИЛЬЯСОВ
Э.Э. КОБИЛОВ
А.М. МАННАНОВ
И.Ю. МАМАТОВА
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. САФОЕВ (отв. редактор)
И.А. САТИВАЛДИЕВА
Ш.Т. САЛИМОВ
Д.И. ТУКСАНОВА
М.М. ТАДЖИЕВ
Г.Ж. УЛУГБЕКОВА
А.Ж. ХАМРАЕВ
Б.Б. ХАСАНОВ
Д.А. ХАСАНОВА
Б.З. ХАМДАМОВ
Э.Б. ХАККУЛОВ
Г.С. ХОДЖИЕВА
Г.У. НУРОВА
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 (Азарбайджан)
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)

9 (95)

2026

Сентябрь

www.bsmi.uz
https://newdaymedicine.com
E: ndmuz@mail.ru
Тел: +99890 8061882

Received: 20.08.2026, Accepted: 10.09.2026, Published: 15.09.2026

UDK 616.441-008.64:616.34-008.87

SUBKLINIK GIPOTIREOZDA ICHAK MIKROBIOTASI VA MIKROBIAL METABOLITLAR PROFILINING TIREOID-GORMONAL HAMDA METABOLIK HOLAT BILAN O'ZARO BOG'LIQLIGI: ZAMONAVIY QARASHLAR

Abdumajitova Azizaxon Jamshid qizi https://orcid.org/0009-0005-4411-4979
Yaxyoyeva Xilola Sharifovna Email: xilola_yaxyoyeva@bsmi.uz

Abu Ali ibn Sino nomidagi Buxoro davlat tibbiyot instituti, O'zbekiston, Buxoro sh. A. Navoiy kochasi 1 Tel: +998 (65) 223-00-50 e-mail: info@bsmi.uz

✓ ***Rezyume***

Subklinik gipotireoz (SG) tireotrop gormon (TTG) darajasining oshishi va erkin tiroksin (FT4) miqdorining me'yoriy chegaralarda saqlanishi bilan tavsiflanadi. So'nggi tadqiqotlar ichak mikrobiotasi va uning metabolitlari tireoid hamda metabolik gomeostaz bilan o'zaro bog'liq bo'lishi mumkinligini ko'rsatmoqda. Ushbu maqolada SGda ichak mikrobiotasi tarkibi, mikrobial metabolitlar, tireoid gormonlar hamda lipid va uglevod almashinuvi ko'rsatkichlari o'rtasidagi bog'liqlik zamonaviy ilmiy ma'lumotlar asosida tahlil qilindi. Mikrobiota hosil qiladigan qisqa zanjirli yog' kislotalari, o't kislotalari metabolitlari va boshqa biologik faol birikmalar ichak bareri, immun yallig'lanish va tireoid gormonlar metabolizmiga ta'sir ko'rsatishi mumkin. Shu sababli SGda mikrobiota, metabolom va tireoid-metabolik ko'rsatkichlarni kompleks baholash istiqbolli ilmiy yo'nalish hisoblanadi.

Kalit so'zlar: subklinik gipotireoz, ichak mikrobiotasi, mikrobial metabolitlar, TTG, FT4, qisqa zanjirli yog' kislotalari, metabolomika.

ВЗАИМОСВЯЗЬ КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТЫ И ПРОФИЛЯ МИКРОБИАЛЬНЫХ МЕТАБОЛИТОВ С ТИРЕОИДНО-ГОРМОНАЛЬНЫМ И МЕТАБОЛИЧЕСКИМ СТАТУСОМ ПРИ СУБКЛИНИЧЕСКОМ ГИПОТИРЕОЗЕ: СОВРЕМЕННЫЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЯ

Абдумажитова Азизахон Жамшид кизи, Яхёева Хилола Шарифовна

Бухарский государственный медицинский институт имени Абу Али ибн Сины, Узбекистан, г. Бухара, ул. А. Навои. 1 Тел: +998 (65) 223-00-50 e-mail: info@bsmi.uz

✓ ***Резюме***

Субклинический гипотиреоз (СГ) характеризуется повышением уровня тиреотропного гормона (ТТГ) при сохранении свободного тироксина (свТ4) в пределах референсных значений. Современные исследования указывают на возможную взаимосвязь между кишечной микробиотой, ее метаболитами и тиреоидно-метаболическим гомеостазом. В статье проанализированы данные о связи состава кишечной микробиоты, микробиальных метаболитов, тиреоидных гормонов, а также показателей липидного и углеводного обмена при субклиническом гипотиреозе. Особое внимание уделено короткоцепочечным жирным кислотам, метаболитам желчных кислот и другим биологически активным соединениям, способным влиять на кишечный барьер, иммуновоспалительные процессы и метаболизм тиреоидных гормонов. Комплексная оценка микробиоты, метаболома и тиреоидно-метаболических показателей представляется перспективным направлением для дальнейших исследований.

Ключевые слова: субклинический гипотиреоз, кишечная микробиота, микробиальные метаболиты, ТТГ, свТ4, короткоцепочечные жирные кислоты, метаболомика.

INTERRELATIONSHIP OF GUT MICROBIOTA AND MICROBIAL METABOLITE PROFILES WITH THYROID HORMONAL AND METABOLIC STATUS IN SUBCLINICAL HYPOTHYROIDISM: CURRENT PERSPECTIVES

Abdumajitova Azizakhon Jamshid qizi, Yakhyoyeva Khilola Sharifovna

Bukhara State Medical Institute named after Abu Ali ibn Sina, Uzbekistan, Bukhara, st. A. Navoi. 1
Tel: +998 (65) 223-00-50 e-mail: info@bsmi.uz

✓ ***Resume***

Subclinical hypothyroidism (SCH) is characterized by elevated thyroid-stimulating hormone (TSH) levels while free thyroxine (FT4) remains within the reference range. Recent studies suggest that gut microbiota and its metabolites may be associated with thyroid and metabolic homeostasis. This narrative review analyzes current evidence on the relationship between gut microbial composition, microbial metabolites, thyroid hormonal status, and lipid and carbohydrate metabolism in SCH. Particular attention is paid to short-chain fatty acids, bile acid metabolites, and other biologically active compounds that may influence intestinal barrier integrity, immune-inflammatory processes, and thyroid hormone metabolism. Integrated assessment of gut microbiota, metabolomic profiles, and thyroid-metabolic markers may provide new insights into the pathogenesis of SCH and help define directions for future clinical research.

Keywords: subclinical hypothyroidism, gut microbiota, microbial metabolites, TSH, FT4, short-chain fatty acids, metabolomics.

Dolzarbligi

Subklinik gipotireoz endokrinologik amaliyotda tez-tez uchraydigan qalqonsimon bez funksional buzilishlaridan biri bo'lib, biokimyoviy jihatdan TTG darajasining oshishi va FT4 miqdorining me'yoriy diapazonda saqlanishi bilan tavsiflanadi. Kasallikning klinik ko'rinishlari ko'pincha yaqqol bo'lmaydi, biroq SG lipid va uglevod almashinuvidagi o'zgarishlar, tana vazni ortishi, insulin sezgirligining pasayishi va boshqa metabolik buzilishlar bilan birga kechishi mumkin. Yao va hammualliflar SGda tireoid gormonlar metabolizmi hamda ichak mikrobiotasi o'rtasida o'zaro bog'liqlik mavjud bo'lishi mumkinligini ko'rsatgan [1,2].

An'anaviy nuqtayi nazardan tireoid gomeostaz gipotalamus–gipofiz–qalqonsimon bez o'qi orqali boshqariladi. Biroq zamonaviy tadqiqotlarda ushbu tizimning ichak mikrobiotasi, immun tizim, oziq moddalarning so'rilishi va mikrobial metabolizm bilan murakkab aloqasi aniqlanmoqda. Shu asosda "gut–thyroid axis" — "ichak–qalqonsimon bez o'qi" tushunchasi shakllangan [3,7,8].

Ichak mikrobiotasi inson organizmidagi eng murakkab mikrobial ekotizimlardan biri bo'lib, uning biologik roli faqat hazm jarayonlari bilan cheklanmaydi. Mikrobiota ichak shilliq qavati yaxlitligini saqlash, immun javobni modulyatsiya qilish, vitaminlar va biologik faol birikmalar sintezida, o't kislotalari transformatsiyasida hamda turli metabolik substratlarning hosil bo'lishida ishtirok etadi. 2024-yilda Nature Reviews Endocrinology jurnalida chop etilgan sharhda ichak mikrobiotasi tireoid gormonlar metabolizmida ishtirok etishi va qisqa zanjirli yog' kislotalari kabi metabolitlar orqali immun va endokrin gomeostazga ta'sir qilishi qayd etilgan. Shu bilan birga, inson tadqiqotlari geografik, parhez va boshqa konfaunder omillar sabab sezilarli heterogenlikka ega [3,5,7,18].

SGda ichak mikrobiotasining o'zgarishi ayniqsa katta ilmiy qiziqish uyg'otmoqda. 2025-yilda kattalarda o'tkazilgan metagenomik tadqiqotda SG guruhi uchun Blautia va Bifidobacterium kabi potensial foydali mikroorganizmlarning kamayishi, Bacteroides va Escherichia kabi bakteriyalarning esa ko'payishi kuzatilgan. Blautia miqdori TTG bilan teskari, Bacteroides esa TTG bilan musbat bog'liqlik ko'rsatgan. Mikrobiotaning ayrim funksional metabolik yo'llari FT3 va T3 ko'rsatkichlari bilan ham korrelyatsiyalangan [4].

Ichak mikrobiotasining endokrin tizimga ta'sirida uning metabolik mahsulotlari alohida ahamiyatga ega. Atsetat, propionat va butirat kabi qisqa zanjirli yog' kislotalari (short-chain fatty acids — SCFAs) ichak epiteliysi energetik ta'minoti, ichak bareri yaxlitligi, immun tolerantlik va metabolik signalizatsiyada qatnashadi. SCFA ishlab chiqaruvchi bakteriyalar tarkibidagi o'zgarishlar metabolik kasalliklar hamda tireoid disfunksiya bilan bog'lanmoqda [5,21,22].

Bundan tashqari, ichak mikrobiotasi birlamchi o’t kislotalarini ikkilamchi o’t kislotalariga aylantirib, metabolik va endokrin signalizatsiyaga ta’sir qiladi. Iodotironinlarning sulfatsiya, glyukuronidatsiya va ichakdagi dekonjugatsiya jarayonlari ham mikrobiota bilan bog’liq bo’lishi mumkin. Bu jarayonlar tireoid gormonlarning enterohepatik aylanishi va biologik mavjudligiga ta’sir ko’rsatishi ehtimolini yuzaga keltiradi [6,7,21].

Shu nuqtayi nazardan, SGda faqat TTG va FT4 ni baholash emas, balki ichak mikrobiotasi tarkibi, mikrobial metabolitlar, lipid va uglevod almashinuvi hamda autoimmun markerlarni kompleks o’rganish kasallik patogenezining yangi jihatlarini ochishi mumkin [2,4,9].

Tadqiqot maqsadi: subklinik gipotireozda ichak mikrobiotasi va mikrobial metabolitlar profilining tireoid-gormonal hamda metabolik holat bilan o’zaro bog’liqligini zamonaviy ilmiy ma’lumotlar asosida kompleks tahlil qilish.

Mazkur ish zamonaviy ilmiy adabiyotlarni tahlil qilishga asoslangan narrativ sharh tadqiqoti sifatida bajarildi [13,18].

2020–2026-yillarda chop etilgan subklinik va klinik gipotireoz, ichak mikrobiotasi, gut–thyroid axis, mikrobial metabolitlar, qisqa zanjirli yog’ kislotalari, metabolomika va tireoid gormonlar metabolizmiga oid ilmiy maqolalar tahlil qilindi [1–12,18–22].

Adabiyotlarni tanlashda quyidagi kalit tushunchalarga ustuvorlik berildi: **“**subclinical hypothyroidism”, “gut microbiota”, “gut microbiome”, “microbial metabolites”, “metabolomics”, “short-chain fatty acids”, “thyroid hormones”, “TSH”, “FT4”, “FT3”, “bile acids” va “metabolic profile”.

Tahlilga asosan quyidagi turdagi ishlar kiritildi:

- subklinik gipotireoz bilan og’rigan bemorlarda ichak mikrobiotasi o’rganilgan klinik tadqiqotlar;
- 16S rRNA yoki shotgun metagenomik sekvenslash qo’llangan ishlar;
- tireoid kasalliklarda metabolomik profillar o’rganilgan tadqiqotlar;
- mikrobiota va metabolom birgalikda tahlil qilingan multi-omics tadqiqotlar;
- SCFA va boshqa mikrobial metabolitlarning tireoid gomeostazdagi roliga bag’ishlangan sharhlar.

Asosiy baholangan ko’rsatkichlar sifatida ichak mikrobiotasi tarkibi va funksional yo’llari, TTG, FT4, FT3/T3, TPOAb, TgAb, lipid profili, glyukoza almashinuvi va aniqlangan metabolik yo’llar olindi [1,2,4,9–12].

Ushbu ish original klinik eksperiment emasligi sababli yangi bemorlar guruhi yoki laboratoriya natijalari kiritilmadi. Natijalar mavjud klinik va molekulyar tadqiqotlarning integrativ tahliliga asoslandi.

Aynan subklinik gipotireozda ichak mikrobiotasi va mikrobial metabolitlar profilini birgalikda o’rgangan original inson tadqiqotlari hozircha juda cheklangan. Maqsadli adabiyot qidiruvida mavzuga bevosita mos original klinik ishlar soni 10 tadan kam bo’lgani sababli, tahlilga gipotireoz, autoimmun tireoid kasalliklar, gut–thyroid axis, SCFA va metabolomik mexanizmlarga oid yaqin klinik hamda sharh tadqiqotlari ham kiritildi [1,4,9–12,23].

Tahlillar

Adabiyotlar tahlili SGda ichak mikrobiotasining tarkibiy va funksional o’zgarishlari tireoid status bilan bog’liq bo’lishi mumkinligini ko’rsatdi [1,4,9–12].

2025-yilda Li va hammualliflar kattalarda o’tkazgan metagenomik kesim tadqiqotida 50 nafar SG bemori va 222 nafar eutiroid nazorat ishtirokchisi taqqoslangan. Shotgun metagenomik sekvenslash yordamida SGda mikrobiota tarkibining sezilarli o’zgarishlari aniqlangan. Xususan, Blautia va Bifidobacterium miqdori kamaygan, Bacteroides va Escherichia esa nisbatan ko’paygan. Blautia kamayishi TTG bilan teskari, Bacteroides ko’pligi TTG bilan musbat korrelyatsiyalangan. Bundan tashqari, mikrobiotaning funksional genlari bilan bog’liq ayrim metabolik yo’llar FT3 va T3 darajalari bilan bog’langan [4].

Ushbu natijalar SGni faqat qalqonsimon bezning lokal funksional buzilishi sifatida emas, balki ichak mikroekologiyasi bilan bog’liq tizimli holat sifatida ko’rib chiqish zarurligini ko’rsatadi [3,4,8].

Yao va hammualliflar mild SG bemorlarida 16S rDNA asosida ichak mikrobiotasini tahlil qilib, mikrobiota tarkibi levotiroksinga bo'lgan ehtiyoj va TTG barqarorligini ta'minlash uchun talab qilinadigan preparat dozasi bilan bog'liqligini aniqlagan. Mualliflar iodotironinlarning ichakdagi metabolizmi, xususan sulfatsiya, glyukuronidatsiya va dekonjugatsiya jarayonlarida mikrobiotaning potensial rolini ta'kidlagan. Serum xolesterini, levotiroksin va mikrobiota o'rtasidagi o'zaro aloqa ham qayd etilgan [1].

Bu ma'lumotlar mikrobial metabolizmning tireoid gormonlar biologik mavjudligi bilan bir qatorda lipid metabolizmi bilan ham bog'liq bo'lishi mumkinligini ko'rsatadi [1,6,7].

SGdagi metabolik o'zgarishlar metabolomik tadqiqotlarda ham tasdiqlangan. Shao va hammualliflar 126 ishtirokchini — 41 nafar SG, 45 nafar klinik gipotireoz va 40 nafar eutiroid shaxsni yuqori aniqlikdagi mass-spektrometriyaga asoslangan metabolomika yordamida o'rgangan. SG va klinik gipotireoz guruhlarining plazma metabolomik profili nazorat guruhidan sezilarli darajada farqlangan. Birlamchi o't kislotalari biosintezi, steroid gormonlar biosintezi, triptofan metabolizmi, lizin parchalanishi va purin metabolizmi kabi yo'llar o'zgargan. Tadqiqotda 65 metabolitning TTG, FT4, TPOAb yoki TgAb bilan statistik bog'liqligi aniqlangan [2].

Bu natijalar SGda gormonal o'zgarishlar klinik manifest gipotireoz rivojlanishidan oldin ham keng metabolik qayta tashkil etilish bilan kechishi mumkinligini ko'rsatadi [2,9].

Microbiome va metabolome ma'lumotlarini birgalikda o'rgangan Jiang va hammualliflarning tadqiqotida gipotireozli bemorlarda ichak mikrobiotasi boyligi va xilma-xilligi kamayishi, butirat ishlab chiqaruvchi bakteriyalarning pasayishi hamda lipid va lipidga o'xshash molekulalarning metabolik profilda yetakchi o'zgarishlardan biri ekanligi qayd etilgan. Bu ish microbiota–metabolite tarmog'i bilan tireoid funksiyasi o'rtasidagi murakkab bog'liqlikni ko'rsatadi [9].

SG va autoimmun komponentning birgalikdagi ta'siri homilador ayollarda ham kuzatilgan. Wu va hammualliflar TPOAb-musbat va TPOAb-manfiy SG guruhlarida ichak mikrobiotasining tarkibi va funksional potensialida farqlar aniqlagan. Jami 19 ta mikrobial metabolik funksiya guruhlarni farqlagan bo'lib, ular asosan lipid va aminokislotalar metabolizmiga tegishli bo'lgan [10,11,23].

Adabiyotlar tahlili mikrobial metabolitlar orasida SCFAlarning alohida ahamiyatini ko'rsatadi. Atsetat, propionat va butirat oziq tolalarining bakterial fermentatsiyasi natijasida hosil bo'lib, ichak epiteliy hujayralari, immun tizim va metabolik signalizatsiyaga ta'sir ko'rsatadi. Butirat ichak epiteliyining energetik substrati sifatida barrier funksiyasini qo'llab-quvvatlashi, immun reaksiyalarni modulyatsiya qilishi va yallig'lanishga qarshi mexanizmlarda qatnashishi mumkin [5,7,21,22].

2025-yilgi zamonaviy sharhlarda gipotireoz bilan bog'liq disbiozning asosiy mexanizmlari sifatida ichak bareri o'tkazuvchanligining ortishi, past darajali tizimli yallig'lanish, immun regulyatsiyaning buzilishi va oziq moddalar so'rilishining o'zgarishi ko'rsatilgan. SCFA hamda o't kislotalari kabi mikrobial metabolitlarning tireoid gormonlar metabolizmi va periferik to'qimalarning gormonlarga sezgirligiga ta'sir qilishi mumkinligi ta'kidlanadi [8,18,21].

Umumlashtirilgan holda, mavjud dalillar quyidagi patogenetik zanjirni ko'rsatadi:

ichak mikrobiotasi disbiozi → mikrobial metabolitlar profilining o'zgarishi → ichak bareri va immun-metabolik signalizatsiyaning buzilishi → tireoid gormonlar metabolizmi va enterohepatik aylanishining o'zgarishi → TTG/FT4/FT3 statusi hamda lipid-uglevod almashinuvidagi siljishlar [3,6–9,21,22].

Biroq mavjud tadqiqotlarning ko'pchiligi kuzatuv xarakteriga ega bo'lgani sababli bu zanjirning barcha bo'g'inlari uchun sabab-oqibat aloqasi hali to'liq isbotlangan emas [13,14,16,17].

Olingan adabiy ma'lumotlar subklinik gipotireozni faqat TTG ko'tarilishi bilan tavsiflanadigan izolyatsiyalangan endokrin holat sifatida baholash yetarli emasligini ko'rsatmoqda [3,8,13].

Ichak mikrobiotasi va qalqonsimon bez o'rtasidagi bog'liqlik ikki tomonlama bo'lishi mumkin. Bir tomondan, mikrobiota tireoid gormonlarning metabolizmi, immun javob, ichak bareri va mikronutrientlar almashinuviga ta'sir ko'rsatadi. Ikkinchi tomondan, tireoid gormonlar gastrointestinal motorika, ichak tranzit vaqti va metabolik sharoitlarni o'zgartirishi orqali ichak mikrobiotasining yashash muhitiga ta'sir qilishi mumkin. Shu sababli SGda aniqlangan disbioz kasallikning sababi, oqibati yoki ushbu ikki jarayonning o'zaro kuchaytiruvchi elementi bo'lishi mumkin. Zamonaviy sharhlar aynan shu ikki tomonlama munosabatni gut–thyroid axis doirasida ko'rib chiqadi [3,6,7,18,21].

2025-yilda SG bemorlarida o’tkazilgan metagenomik tadqiqot ushbu nazariy model uchun muhim klinik dalillarni taqdim etdi. Blautia va Bifidobacterium kamayishi, Bacteroides va Escherichia ko’payishi hamda ularning TTG bilan bog’liqligi mikrobiota tarkibining tireoid statusga bevosita yoki bilvosita aloqadorligini ko’rsatadi. Biroq bitta bakterial taksonni mustaqil diagnostik marker sifatida talqin qilishga hali erta. Mikrobiota tarkibiga geografik hudud, ovqatlanish, yosh, tana massasi, antibiotik va boshqa dori vositalari ham katta ta’sir ko’rsatadi [4].

Mikrobiotaning faqat taksonomik tarkibini o’rganish ham yetarli emas. Bir xil yoki o’xshash taksonomik profillar turli funksional metabolik imkoniyatlarga ega bo’lishi mumkin. Shu sababli zamonaviy tadqiqotlarda metagenomika bilan bir qatorda metabolomik yondashuv muhim ahamiyat kasb etmoqda [4,9,20].

Mikrobial metabolitlar ichida SCFAlar SG patogenezini o’rganishda istiqbolli biomarker va mexanistik bo’g’in bo’lishi mumkin. Butirat, propionat va atsetat ichak barerining yaxlitligi, immun tizim, glyukoza va lipid metabolizmi bilan bog’langan. SCFA ishlab chiqaruvchi bakteriyalarning kamayishi ichak o’tkazuvchanligini kuchaytirishi va bakterial komponentlarning tizimli qon aylanishiga o’tishiga sharoit yaratishi mumkin [5,21,22].

Bunday holatda lipopolisaxaridlar kabi mikrobial mahsulotlar Toll-like retseptorlar va NF-κB kabi yallig’lanish yo’llarini faollashtirib, past darajali tizimli yallig’lanishni kuchaytirishi mumkin. 2025-yilgi sharhlar SCFA va LPSni gut–thyroid axisning muhim funksional mediatorlari sifatida muhokama qiladi [18,19,21].

O’t kislotalari ham mikrobiota va tireoid-metabolik holatni bog’lovchi istiqbolli mexanizmlardan biridir. Ichak bakteriyalari birlamchi o’t kislotalarining ikkilamchi shakllarga aylanishida ishtirok etadi. O’t kislotalari esa nafaqat lipid hazm bo’lishida, balki metabolik signal molekulalari sifatida ham faoliyat yuritadi [2,6,7,21,23].

Shao va hammualliflar SGda birlamchi o’t kislotasi biosintezining o’zgarganini ko’rsatganligi shu jihatdan muhimdir. Ushbu o’zgarishlarni mikrobiota tarkibi bilan parallel ravishda tekshirish SG patogenezida yangi mexanistik aloqalarni aniqlash imkonini berishi mumkin [2].

Triptofan metabolizmi ham alohida qiziqish uyg’otadi. Triptofan ichak mikrobiotasi orqali turli indol hosilalariga aylantiriladi va ular intestinal barer, immun homeostaz hamda tizimli metabolik signalizatsiyada ishtirok etadi. SGdagi metabolomik o’zgarishlar orasida triptofan yo’lining aniqlanishi mikrobiota–metabolit–tireoid munosabatlarini o’rganishda ushbu yo’nalishga e’tibor qaratish zarurligini ko’rsatadi [2,21].

Tireoid va lipid almashinuvi o’rtasidagi bog’liqlik klinik jihatdan ham katta ahamiyatga ega. Tireoid gormonlar lipid sintezi, oksidlanishi va xolesterin almashinuvida ishtirok etadi. Yao va hammualliflarning ma’lumotlari xolesterin, levotiroksin va ichak mikrobiotasi o’rtasidagi o’zaro aloqani ko’rsatgan [1,2,6].

Shuning uchun kelajakdagi SG tadqiqotlarida faqat TTG va FT4 emas, balki FT3, T3, TPOAb, TgAb, umumiy xolesterin, LDL-C, HDL-C, triglitseridlar, och qoringa glyukoza, insulin va HOMA-IR kabi ko’rsatkichlarni ham mikrobiota va metabolom bilan birgalikda tahlil qilish maqsadga muvofiq [2,4,9,20].

Ayniqsa, SG bemorlarini fenotiplashda autoimmun va noautoimmun shakllarni ajratish muhim. TPOAb musbat bemorlarda mikrobiota tarkibi va metabolik funksiyalar TPOAb manfiy bemorlardan farqlanishi mumkinligi homilador ayollardagi tadqiqotlarda ko’rsatilgan [10,11,15,19].

Mavjud ilmiy adabiyotlarning asosiy cheklovi shundan iboratki, tadqiqotlarning katta qismi kesim yoki kuzatuv dizayniga ega. Dieta, tana massasi indeksi, antibiotiklar, metformin, proton pompa ingibitorlari, probiotiklar, levotiroksin qabul qilish, yashash hududi va yosh kabi ko’plab omillar mikrobiotani mustaqil ravishda o’zgartirishi mumkin [3,13,14,18].

Bundan tashqari, 16S rRNA sekvenslash bakterial tarkibni aniqlashga yordam bersa-da, funksional imkoniyatlarni faqat taxminiy baholaydi. Shotgun metagenomika, targeted va untargeted metabolomika kombinatsiyasi mikrobiota faoliyatini ancha chuqurroq baholash imkonini beradi [4,9,20].

Shu sababli kelajakdagi tadqiqotlar uchun eng maqbul model quyidagicha bo’lishi mumkin:

klinik fenotiplash → TTG/FT4/FT3 va autoantitanalar → lipid va uglevod profili → shotgun metagenomika → SCFA va o’t kislotalarining miqdoriy tahlili → untargeted metabolomika → mikrobiota–metabolit–gormon korrelyatsion tarmog’i → prognostik model.

Mazkur yondashuv SGning qaysi bemorlarida metabolik xavf yuqori ekanini aniqlash va individual monitoring algoritmlarini ishlab chiqishda yangi imkoniyatlar yaratishi mumkin [4,9,20].

Zamonaviy ilmiy ma’lumotlar subklinik gipotireozda ichak mikrobiotasi, mikrobial metabolitlar, tireoid-gormonal holat va tizimli metabolizm o’rtasida murakkab o’zaro bog’liqlik mavjudligini ko’rsatmoqda [3,8,21].

SGda Blautia va Bifidobacterium kabi ayrim foydali mikroorganizmlarning kamayishi, Bacteroides va Escherichia kabi bakteriyalar ulushining ko’payishi hamda ushbu o’zgarishlarning TTG va periferik tireoid gormonlar bilan korrelyatsiyasi gut–thyroid axisning klinik ahamiyatini tasdiqlovchi yangi dalillar hisoblanadi [4].

SCFA, o’t kislotalari hosilalari, triptofan metabolitlari va boshqa mikrobial mahsulotlar ichak bareri, immun-yallig’lanish jarayonlari, lipid va uglevod almashinuvi hamda tireoid gormonlar metabolizmini bog’lovchi potensial mediatorlar sifatida qaralishi mumkin [2,5–7,21,22].

Biroq mavjud ma’lumotlar asosida mikrobiota o’zgarishlarini SGning bevosita sababi deb hisoblash hali erta. Hozirgi dalillarning ko’pchiligi assotsiativ xarakterga ega [13,14,16,17].

Shu sababli subklinik gipotireozda ichak mikrobiotasi va mikrobial metabolitlar profilini TTG, FT4, FT3, autoimmun markerlar, lipid va uglevod almashinuvi ko’rsatkichlari bilan birgalikda kompleks baholash kelajakdagi klinik tadqiqotlarning ustuvor yo’nalishlaridan biri bo’lishi lozim [2,4,9,20].

Bunday integrativ yondashuv SGning patogenetik fenotiplarini aniqlash, metabolik xavfni individual baholash va kelajakda mikrobiotaga yo’naltirilgan diagnostik hamda terapevtik strategiyalarni ishlab chiqish uchun ilmiy asos yaratishi mumkin [8,20,21].

Xulosa

Shunday qilib, mavjud ma'lumotlar subklinik hipotiroidizmda ichak mikrobiotasi va uning metabolitlari o'rtasida qalqonsimon bez va metabolik gomeostaz bilan yaqin bog'liqlikni ko'rsatadi. Qisqa zanjirli yog 'kislotalari, safro kislotasi metabolitlari va boshqa biologik faol birikmalarning mikrobial tarkibi va ishlab chiqarilishidagi o'zgarishlar ichak to'sig'ini, immun-yallig'lanish jarayonlarini va metabolizmni tartibga solishda ishtirok etishi mumkin. Mikrobiota, mikrobial metabolom va qalqonsimon bez metabolik parametrlarini har tomonlama o'rganish subklinik hipotiroidizm patogenezini chuqurroq tushunishga va istiqbolli diagnostika va terapevtik yondashuvlarni aniqlashga yordam berishi mumkin.

ADABIYOTLAR RO’YXATI:

1. Yao Z, Zhao M, Gong Y, Chen W, Wang Q, Fu Y, Guo T, Zhao J, Gao L, Bo T. Relation of gut microbes and L-thyroxine through altered thyroxine metabolism in subclinical hypothyroidism subjects. Front Cell Infect Microbiol. 2020;10:495. doi:10.3389/fcimb.2020.00495.
2. Shao F, Li R, Guo Q, Qin R, Su W, Yin H, Tian L. Plasma metabolomics reveals systemic metabolic alterations of subclinical and clinical hypothyroidism. J Clin Endocrinol Metab. 2023;108(1):13-25. doi:10.1210/clinem/dgac555.
3. Ludgate ME, Masetti G, Soares P. The relationship between the gut microbiota and thyroid disorders. Nat Rev Endocrinol. 2024;20(9):511-525. doi:10.1038/s41574-024-01003-w.
4. Li X, Ma X, Wu L, Mo Z, Chen Z, Zhang R, Xing M. Metagenomic analysis of gut microbiota structure and function in adults with subclinical hypothyroidism: a cross-sectional study in China. Microorganisms. 2025;13(11):2643. doi:10.3390/microorganisms13112643.
5. Mendoza-León MJ, Mangalam AK, Regaldiz A, González-Madrid E, Rangel-Ramírez MA, Álvarez-Mardonez O, et al. Gut microbiota short-chain fatty acids and their impact on the host thyroid function and diseases. Front Endocrinol (Lausanne). 2023;14:1192216. doi:10.3389/fendo.2023.1192216.
6. Fenneman AC, Bruinstroop E, Nieuwdorp M, van der Spek AH, Boelen A. A comprehensive review of thyroid hormone metabolism in the gut and its clinical implications. Thyroid. 2023;33(1):32-44. doi:10.1089/thy.2022.0491.
7. Bargiel P, Szczuko M, Stachowska L, Prowans P, Czapla N, Markowska M, et al. Microbiome metabolites and thyroid dysfunction. J Clin Med. 2021;10(16):3609. doi:10.3390/jcm10163609.

8. Jiang T, Yang X, Wu B, Tao R, Chen R, Jin L, Sun D, Weng H. Gut microbiota in hypothyroidism: pathogenic mechanisms and opportunities for precision microbiome interventions. Front Microbiol. 2025;16:1661211. doi:10.3389/fmicb.2025.1661211.
9. Jiang W, Lu G, Qiao T, Yu X, Luo Q, Tong J, et al. Integrated microbiome and metabolome analysis reveals a distinct microbial and metabolic signature in Graves' disease and hypothyroidism. Heliyon. 2023;9(11). doi:10.1016/j.heliyon.2023.e21463.
10. Wu M, Yang Y, Fan Y, Guo S, Li T, Gu M, et al. Characteristics of the intestinal flora of TPOAb-positive women with subclinical hypothyroidism in the second trimester of pregnancy: a single-center prospective cohort study. Front Cell Infect Microbiol. 2022;12:794170. doi:10.3389/fcimb.2022.794170.
11. Wu M, Chi C, Yang Y, Guo S, Li T, Gu M, et al. Dynamics of gut microbiota during pregnancy in women with TPOAb-positive subclinical hypothyroidism: a prospective cohort study. BMC Pregnancy Childbirth. 2022;22(1):592. doi:10.1186/s12884-022-04923-5.
12. Lin P, Xu Y, Sun Z, Li J, Ban Y, Zhang M, Wang Y, Zhang C. Investigating the relationship between intestinal microbiota and Th1/Th2/Th17 imbalance in subclinical hypothyroidism during the first half of pregnancy: a multi-omics approach. Gut Pathog. 2025;17:83. doi:10.1186/s13099-025-00743-y.
13. Stramazzo I, Capriello S, Filardo S, Centanni M, Virili C. Microbiota and thyroid disease: an updated systematic review. Adv Exp Med Biol. 2023;1370:125-144. doi:10.1007/5584_2023_770.
14. Gong B, Wang C, Meng F, Wang H, Song B, Yang Y, Shan Z. Association between gut microbiota and autoimmune thyroid disease: a systematic review and meta-analysis. Front Endocrinol (Lausanne). 2021;12:774362. doi:10.3389/fendo.2021.774362.
15. Liu J, Qin X, Lin B, Cui J, Liao J, Zhang F, Lin Q. Analysis of gut microbiota diversity in Hashimoto's thyroiditis patients. BMC Microbiol. 2022;22(1):318. doi:10.1186/s12866-022-02739-z.
16. Wang Z, Wu M, Pan Y, Wang Q, Zhang L, Tang F, Lu B, Zhong S. Causal relationships between gut microbiota and hypothyroidism: a Mendelian randomization study. Endocrine. 2024;83(3):708-718. doi:10.1007/s12020-023-03538-w.
17. Zheng T, Li X, Xiang H. Gut-thyroid axis: investigating the causality between the gut microbiota and autoimmune thyroid disease based on a Mendelian randomization study. Endokrynol Pol. 2025;76(2):153-164. doi:10.5603/ep.102030.
18. Fang L, Ning J. Recent advances in gut microbiota and thyroid disease: pathogenesis and therapeutics in autoimmune, neoplastic, and nodular conditions. Front Cell Infect Microbiol. 2024;14:1465928. doi:10.3389/fcimb.2024.1465928.
19. Sessa L, Malavolta E, Sodero G, Cipolla C, Rigante D. The conspiring role of gut microbiota as primer of autoimmune thyroid diseases: a scoping focus. Autoimmun Rev. 2025;24(5):103780. doi:10.1016/j.autrev.2025.103780.
20. Gluvić Z, Zafirović S, Sudar-Milovanović E, Stanimirović J, Soskić S, Jevremović D, Isenović ER. Molecular insights into the gut-thyroid axis: microbiota-driven biomarkers and diagnostic applications. Expert Rev Mol Diagn. 2025;25(12):915-928. doi:10.1080/14737159.2025.2599225.
21. Jia C, Li M, Yu X. Gut microbiota and its metabolites with thyroid diseases: functions and mechanisms. Front Immunol. 2026;17:1818380. doi:10.3389/fimmu.2026.1818380.
22. Shen S, Zhang J, Qi X. The role of short-chain fatty acids as key mediators of gut microbiota-host crosstalk in thyroid diseases. Autoimmun Rev. 2026;25(9):104123. doi:10.1016/j.autrev.2026.104123.
23. Li J, Xu Y, Cai Y, Zhang M, Sun Z, Ban Y, et al. Association of differential metabolites with small intestinal microflora and maternal outcomes in subclinical hypothyroidism during pregnancy. Front Cell Infect Microbiol. 2022;11:779659. doi:10.3389/fcimb.2021.779659.

Qabul qilingan sana 20.08.2026