YIRINGLI-YALLIG‘LANISH JARAYONLARIDAN AJRATILGAN PIOGEN KOKKLARNI PROTEOMIK VA MOLEKULYAR-GENETIK USULLAR ASOSIDA IDENTIFIKATSIYA QILISH

[1]**Iskandarova Yulduzoy Nizamitdinovna**, [2]**Fayziyev Voxid Baxramovich**, [3]**Adilkhonova N.A.**[4]

1. Chirchiq davlat universiteti mustaqil tadqiqotchisi (PhD), elektron pochta: iskandarovayulduzoy@gmail.com.

2. Chirchiq davlat universiteti kafedra mudiri, biologiya fanlari doktori, professor.

3. Toshkent tibbiyot akademiyasi Bakteriologiya laboratoriyasi bo‘limi mudiri, tibbiyot fanlari nomzodi.

Annotatsiya: Mazkur tadqiqotda yiringli-yallig‘lanish jarayonlaridan ajratilgan piogen kokklarni zamonaviy mikrobiologik, proteomik va molekulyar-genetik usullar yordamida identifikatsiya qilish natijalari o‘rganildi. Bakterial kulturalarning morfologik xususiyatlari Gram usulida bo‘yash, MALDI-TOF MS tahlili, 16S rRNK geni sekvensiyasi va polimeraza zanjir reaksiyasi (PZR) yordamida baholandi. Olingan nukleotid ketma-ketliklari NCBI BLAST ma’lumotlar bazasi orqali taqqoslandi hamda filogenetik tahlil o‘tkazildi. Natijalar bakterial izolyatlarni aniqlashda proteomik va molekulyar-genetik usullarni birgalikda qo‘llash muhimligini ko‘rsatdi.

Kalit so‘zlar: piogen kokklar, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pyogenes*, *Granulicatella adiacens*, MALDI-TOF MS, 16S rRNK, PZR, filogenetik tahlil.

Kirish

Piogen kokklar insonlarda turli yiringli-yallig‘lanish kasalliklarini keltirib chiqaruvchi muhim bakterial guruh hisoblanadi. Ular orasida *Staphylococcus* va *Streptococcus* avlodlariga mansub bakteriyalar alohida klinik ahamiyatga ega. Ushbu mikroorganizmlarni to‘g‘ri identifikatsiya qilish infeksion kasalliklarni tashxislash, qo‘zg‘atuvchilarni aniqlash va epidemiologik monitoringni takomillashtirishda muhim o‘rin tutadi. An’anaviy mikrobiologik tekshiruvlarda bakteriyalarning morfologik, kultural va biokimyoviy xususiyatlari o‘rganiladi. Zamonaviy laboratoriya amaliyotida esa MALDI-TOF MS va molekulyar-genetik usullar bakteriyalarni tezkor hamda aniqroq identifikatsiya qilish imkonini beradi. Shu sababli ushbu usullar natijalarini o‘zaro taqqoslash dolzarb ilmiy-amaliy ahamiyatga ega.

Tadqiqotning maqsadi. Yiringli-yallig‘lanish o‘choqlaridan ajratilgan bakterial izolyatlarni MALDI-TOF MS, 16S rRNK geni sekvensiyasi va PZR yordamida identifikatsiya qilish hamda filogenetik tahlil asosida ularning taksonomik mansubligini baholash.

Materiallar va tadqiqot usullari

Tadqiqotda Sanitariya-epidemiologik nazorat boshqarmasi bakteriologiya laboratoriyasidan olingan namunalar asosida ajratilgan bakterial kulturalardan foydalanildi. Namunalar tegishli ozuqa muhitlariga ekilib, hosil bo‘lgan koloniyalardan sof kulturalar ajratib olindi. Bakteriyalarning morfologik xususiyatlari Gram usulida bo‘yash va mikroskopik tekshiruv orqali o‘rganildi. Mikroskopik kuzatuvlarda stafilokokklarga xos to‘p-to‘p joylashish va *streptokokklarga* xos zanjirsimon tuzilish belgilari baholandi.

IQTIBOS UCHUN
Iskandarova Y.N., Fayziyev V.B., Adilkhonova N.A. Yiringli-yallig‘lanish jarayonlaridan ajratilgan piogen kokklarni proteomik va molekulyar-genetik usullar asosida identifikatsiya qilish // Fundamental va amaliy mikrobiologiyaning bugungi holati va rivojlanish istiqbollari: yosh olimlar nigohi: Respublika ilmiy-amaliy anjumani materiallari. – Toshkent, 2026. – B. 445–446.
DOI: https://doi.org/10.66073/ReFocus-Conf/3010126

Dastlabki identifikatsiya MALDI-TOF MS usulida amalga oshirildi. Molekulyar tekshiruvlarda bakterial DNK ajratilib, 16S rRNK geni sekvensiyasi hamda PZR tahlillari bajarildi. *Staphylococcus aureus* uchun *nuc* va *coa*, *Streptococcus pyogenes* uchun esa *emm* genlari nishon sifatida belgilandi. Olingan 16S rRNK ketma-ketliklari National Center for Biotechnology Information (NCBI) ma'lumotlar bazasining BLAST dasturi yordamida taqqoslandi. Filogenetik shajaralar MEGA dasturida Maximum Likelihood usuli asosida tuzildi.

Natijalar va muhokama

MALDI-TOF MS tahlilida uchta tekshiruv natijasi uchun moslik koeffitsiyentlari mos ravishda 2,38; 2,18 va 2,14 ni tashkil etdi. Keltirilgan mezon bo‘yicha 2,0 va undan yuqori ko‘rsatkichlar ishonchli identifikatsiyani qo‘llab-quvvatlaydi. Biroq uchinchi namuna nomi dastlabki ma'lumotlarda *Streptococcus aureus* shaklida berilganligi sababli, uning aniq taksonomik nomini laboratoriya bayonnomasi bilan solishtirish zarur. 16S rRNK geni ketma-ketliklarini NCBI BLAST bazasida taqqoslash natijasida Y1 izolyati *Staphylococcus aureus* bilan 100% o‘xshashlik ko‘rsatdi. Y2 izolyati esa *Granulicatella adiacens* va ma'lumotlar bazasida *Uncultured bacterium* sifatida qayd etilgan ketma-ketliklar bilan 99,65% o‘xshashlikka ega bo‘ldi. Y1 izolyatining filogenetik tahlili MEGA4 bioinformatik dasturida Maximum Likelihood usuli yordamida amalga oshirildi. Filogenetik daraxtda Y1 izolyati *Staphylococcus aureus* turiga mansub ketma-ketliklar bilan yaqin joylashdi. Ushbu natija NCBI BLAST orqali aniqlangan 100% o‘xshashlik ko‘rsatkichi bilan mos kelib, izolyatning taksonomik mansubligini qo‘llab-quvvatladi. Y2 izolyatining filogenetik shajarasi *Granulicatella adiacens*, *Streptococcus pyogenes* va *Streptococcus pneumoniae* ketma-ketliklari bilan taqqoslandi. Natijada Y2 izolyati *Streptococcus* turlaridan farqli guruhga joylashdi va NCBI BLAST natijasiga mos ravishda *Granulicatella adiacens* bilan yaqinlik ko‘rsatdi. Shu sababli Y2 izolyatini *Streptococcus pyogenes* deb belgilashdan oldin qo‘shimcha tasdiqlovchi tekshiruvlar talab etiladi. Olingan natijalar MALDI-TOF MS va molekulyar-genetik usullarni birgalikda qo‘llash bakterial izolyatlarni identifikatsiya qilishda muhimligini ko‘rsatadi. Bunda har bir usulning natijasi alohida baholanib, yakuniy identifikatsiya o‘zaro mos keladigan laboratoriya dalillari asosida amalga oshirilishi lozim.

Xulosa

Tadqiqot davomida piogen kokklarni mikrobiologik, proteomik va molekulyar-genetik usullar yordamida identifikatsiya qilish natijalari tahlil qilindi. MALDI-TOF MS tekshiruvlarida moslik koeffitsiyentlari 2,0 dan yuqori bo‘ldi. 16S rRNK geni ketma-ketligini NCBI BLAST bazasida taqqoslash natijasida Y1 izolyati *Staphylococcus aureus* bilan 100% o‘xshashlik ko‘rsatdi. Filogenetik tahlil ushbu natijani qo‘llab-quvvatladi. Y2 izolyatining *Granulicatella adiacens* bilan 99,65% o‘xshashligi esa uning taksonomik mansubligini qo‘shimcha usullar bilan aniqlashtirish zarurligini ko‘rsatdi. Shunday qilib, MALDI-TOF MS, 16S rRNK sekvensiyasi va filogenetik tahlilni uyg‘unlashtirish bakterial izolyatlarni identifikatsiya qilish imkoniyatlarini kengaytiradi. Ushbu yondashuv klinik mikrobiologik diagnostika va epidemiologik monitoringda muhim ahamiyatga ega.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. National Center for Biotechnology Information (NCBI). BLAST. https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/
2. MALDI-TOF MS yordamida mikroorganizmlarni identifikatsiya qilish bo‘yicha ilmiy adabiyotlar.
3. Bakteriyalarning 16S rRNK sekvensiyasi va filogenetik tahliliga oid ilmiy manbalar.