



URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO'YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

УЎК: 616.9:579.861.2:577.21:615.33

МЕТИЦИЛЛИНГА ЧИДАМЛИ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* ШТАММЛАРИНИНГ МОЛЕКУЛЯР-ГЕНЕТИК ТАҲЛИЛИ



Муродова Ижобатхон Абдулбоси кизи

PhD, Тошкент давлат тиббиёт университети, Микробиология,
вирусология ва иммунология кафедра ассистенти, Тошкент, Ўзбекистон

ijobatmurodova3@gmail.com

<https://orcid.org/0009-0007-0453-6215>

Тел.: (93) 672 27 95

Аннотация. Тадқиқотда Республика шошилич тиббий ёрдам илмий марказида 2026 йил март ойида стационар даволанган беморлардан олинган 252 та клиник намуна асосида *Staphylococcus aureus* штаммларининг молекуляр-генетик таҳлили баён этилган. Реал вақт режимида полимер занжирли реакция усули орқали *mecA* гени аниқланиб, 164 та (65,1%) изолят метициллинга чидамли *Staphylococcus aureus* сифатида тасдиқланди. Метициллинга чидамли *Staphylococcus aureus* штаммларининг ДНК ўлчамлари гел-электрофорез усулида 200 бп (base pair)дан иборатлиги аниқланди.

Калит сўзлар. *Staphylococcus aureus*, *MRSA*, *mecA*, ПЗР, молекуляр-генетик таҳлил, гел-электрофорез

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ МЕТИЦИЛЛИН-РЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММОВ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS*

Муродова Ижобатхон Абдулбоси кизи

Ташкентский государственный медицинский университет, Ташкент, Узбекистан

Аннотация. В исследовании описан молекулярно-генетический анализ штаммов *Staphylococcus aureus* на основе 252 клинических образцов, полученных от пациентов, госпитализированных в марте 2026 года в Республиканский научный центр неотложной медицинской помощи. Ген *mecA* был обнаружен методом полимеразной цепной реакции в реальном времени, и 164 (65,1%) изолята были подтверждены как метициллин-резистентные штаммы *Staphylococcus aureus*. Размер ДНК штаммов метициллин-резистентного *Staphylococcus aureus*, определенный методом геля-электрофореза, составил 200 п.н. (пар оснований).

Ключевые слова. *Staphylococcus aureus*, *MRSA*, *mecA*, ПЦР, молекулярно-генетический анализ, гель-электрофорез

MOLECULAR-GENETIC ANALYSIS OF *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* STRAINS RESISTANT TO METHICILLIN



URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO'YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

Murodova Ijobatkhon Abdulbosi qizi

Tashkent State Medical University, Tashkent, Uzbekistan

Abstract. The study describes the molecular genetic analysis of *Staphylococcus aureus* strains based on 252 clinical samples obtained from patients hospitalized in March 2026 at the Republican Scientific Center for Emergency Medical Care. The *mecA* gene was detected by real-time polymerase chain reaction, and 164 (65.1%) isolates were confirmed as methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. The DNA size of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains was determined by gel electrophoresis to be 200 bp (base pairs).

Keywords. *Staphylococcus aureus*, *MRSA*, *mecA*, PCR, molecular genetic analysis, gel electrophoresis

КИРИШ. *S. aureus* инсон организмида шартли-патоген микроорганизм сифатида кенг тарқалган бўлиб, юқори нафас йўллари, сийдик-таносил тизими, қон айланиш тизими ва юмшоқ тўқималар инфекцияларини келтириб чиқариши мумкин. Айниқса, стационар шароитда даволанаётган беморларда ушбу микроорганизмнинг нозокомиал инфекциялар ривожланишидаги аҳамияти жуда юқори.

Сўнгги йилларда антибиотикларга, айниқса β -лактам гуруҳи препаратларига чидамли *S. aureus* штаммларининг кўпайиши клиник амалиётда жиддий муаммо бўлиб қолмоқда. Метициллингга чидамли *S. aureus* (*MRSA*) штаммлари асосан *mecA* гени орқали резистентлик хусусиятига эга бўлиб, ушбу ген PBP2a оксиди синтезини таъминлайди. Бу эса β -лактама антибиотиклар таъсирини пасайтиради ва даволашни қийинлаштиради.

Шу сабабли *MRSA* штаммларини молекуляр-генетик усулларда, хусусан ПЗР ёрдамида *mecA* генини аниқлаш орқали баҳолаш муҳим аҳамиятга эга.

АДАБИЁТЛАР ТАҲЛИЛИ ВА МЕТОДОЛОГИЯ. *S. aureus* инсон организми учун энг муҳим шартли-патоген микроорганизмлардан бири ҳисобланиб, у тери ва юмшоқ тўқима инфекцияларидан тортиб, сепсис, эндокардит, остеомиелит ва нозокомиал пневмония каби оғир касалликларни келтириб чиқариши мумкин. Айниқса, метициллингга чидамли *Staphylococcus aureus* (*MRSA*) штаммларининг кенг тарқалиши замонавий клиник микробиология ва инфекция назорат соҳасида жиддий муаммо сифатида баҳоланмоқда. *MRSA* биринчи марта 1961 йилда метициллин клиник амалиётга жорий этилганидан кўп ўтмай аниқланган бўлиб, бу ҳолат бактерияларнинг антибиотикларга тез мослашиш қобилияти юқори эканлигини кўрсатади[7].

*MRSA*нинг асосий молекуляр хусусияти унинг β -лактама антибиотикларига чидамлилигини таъминловчи *mecA* ёки *mecC* генларини сақлаши билан боғлиқ. Ушбу генлар бактерия хромосомасига интеграцияланган staphylococcal cassette chromosome *mec* (*SCCmec*) мобил генетик элементи таркибида жойлашган. *mecA* гени ўз навбатида ўзгарган пенициллингга боғланувчи оксид — PBP2a (penicillin-binding protein 2a) ни кодлайди. Бу оксид β -лактама антибиотиклари таъсирида ҳам хужайра девори синтезини давом эттириш имконини беради, натижада штаммлар метициллин, оксациллин, цефокситин ва бошқа β -лактамаларга нисбатан чидамли бўлиб қолади. Сўнгги йилларда *MRSA*нинг молекуляр-генетик таҳлилида *SCCmec* типлаш алоҳида аҳамият касб этмоқда. Илмий адабиётларда



URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO‘YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

SCCmec ning I dan XIII gacha бўлган бир нечта типлари тавсифланган бўлиб, уларнинг тарқалиши клиник ва эпидемиологик манбага боғлиқ ҳолда фарқ қилади. Масалан, I-III типлар кўпроқ госпитал (HA-MRSA) штаммларида, IV–V типлар эса жамоатда орттирилган (CA-MRSA) штаммларда кўп учрайди. Бу эса инфекция манбасини аниқлаш ва тарқалиш йўллари кузатишда муҳим аҳамиятга эга[1-2].

MRSA штаммларининг молекуляр тавсифида генотипик идентификация усуллари муҳим ўрин тутadi. Энг кенг қўлланиладиган усуллар қаторига ПЗР (PCR), multiplex PCR, real-time PCR, MLST (multilocus sequence typing), spa typing, PFGE (pulsed-field gel electrophoresis) ва бутун геном секвенирлаш (WGS) киради[10]. ПЗР орқали *mecA*, *mecC*, *nuc*, *lukS-PV/lukF-PV* каби генларни аниқлаш MRSA ни тез ва аниқ диагностика қилиш имконини беради. Айниқса, *mecA* генини аниқлаш MRSA диагностикасининг “олтин стандарти” сифатида қаралади. Баъзи тадқиқотларда фенотипик усулларда метициллинга чидамли деб баҳоланган штаммларда *mecA* аниқланмаган ҳолатлар ҳам кузатилган. Бу эса *mecC* ёки бошқа муқобил резистентлик механизмлари мавжудлигини кўрсатади[6].

MRSA ning генетик таҳлили фақат антибиотик резистентлик билан чекланмай, унинг вирулентлик омилларини ўрганишни ҳам ўз ичига олади. Хусусан, Panton-Valentine leukocidin (PVL) генлари, *hla*, *sea*, *seb*, *icaA* каби генлар бактериянинг патогенлик даражасини белгилайди. Айниқса, PVL позитив штаммлар оғир некротик пневмония ва юмшоқ тўқима инфекцияларини келтириб чиқариши билан ажралиб туради. Шу нуқтаи назардан MRSAning молекуляр-генетик профилини аниқлаш клиник оқибатларни прогноз қилиш учун ҳам муҳим ҳисобланади. Адабиётларда PVL позитив CA-MRSA штаммлари ёш ва соғлом популяцияда кўпроқ учраши таъкидланган[5].

Сўнгги тадқиқотларда бутун геном секвенирлаш технологиялари MRSA эволюциясини чуқур ўрганиш имконини бермоқда. WGS орқали нафақат *mec* генлари, балки мутациялар, клонал линиялар ва горизонтал ген кўчиш ҳолатлари ҳам таҳлил қилинади. Бу усул MRSAning маҳаллий ва глобал тарқалиш йўналишларини аниқлашда юқори самарадорликка эга. Масалан, ST239, ST22, ST5, ST8 каби клонал линиялар дунё бўйлаб кенг тарқалган эпидемик штаммлар сифатида қайд этилган[8-9]. Марказий Осиё ва Ўзбекистон ҳудудида ҳам MRSA штаммларининг молекуляр хусусиятларини ўрганиш бўйича тадқиқотларга эҳтиёж юқори. Чунки маҳаллий штаммларнинг *SCCmec* типлари, *mecA* ген тарқалиши ва вирулентлик профили халқаро маълумотлардан фарқ қилиши мумкин. Шу боис маҳаллий изолятларни молекуляр-генетик таҳлил қилиш эпидемиологик назорат, антибиотик сиёсатини тўғри шакллантириш ва самарали даволаш стратегияларини ишлаб чиқиш учун муҳимдир [3-4].

Хулоса қилиб айтганда, MRSA штаммларининг молекуляр-генетик таҳлили уларнинг антибиотикларга чидамлилик механизмлари, генетик хилма-хиллиги, вирулентлик омиллари ва эпидемиологик тарқалишини чуқур баҳолаш имконини беради. Ушбу йўналишдаги тадқиқотлар клиник амалиётда тез диагностика, инфекция назорати ва рационал антибиотикотерапияни таъминлаш учун илмий асос бўлиб хизмат қилади.

Материаллар ва усуллар. Ушбу тадқиқот давомида жами 252 та клиник биологик намуна Республика шошилинч тиббий ёрдам илмий маркази (РШТЁМ) бактериологик лабораториясида ва Тошкент вакцина ва зардоблар илмий-тадқиқот институти



URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO'YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

лабораторияларида микробиологик таҳлилдан ўтказилди. Барча намуналар асептика ва антисептика қоидаларига қатъий риоя қилинган ҳолда йиғилди ҳамда микробиологик лабораторияга белгиланган муддатларда етказилди. Олинган клиник материаллардан *S aureus* штаммларини ажратиб олиш мақсадида стандарт бактериологик усуллар қўлланилди. Намуналар селектив ва дифференциал озуқа муҳитларига экилиб, 35–37°C ҳароратда 18–24 соат давомида инкубация қилинди. Ўсиб чиққан колониялар морфологик, тинкториал ва биокимёвий хусусиятлари асосида идентификация қилинди.

Ажратилган ва сақловчи муҳитда турғун ҳолатда сақланган штаммларнинг метициллинга чидамлилигини молекуляр-генетик жиҳатдан тасдиқлаш мақсадида РТ-ПЗР (Real-Time Polymerase Chain Reaction) усули қўлланилди. MRSA штаммларини аниқлашда асосий молекуляр маркер сифатида *mecA* гени танланди. Ушбу ген β -лактама антибиотикларига чидамлиликини таъминловчи РВР2а оксилени кодловчи асосий резистентлик гени ҳисобланади. ДНК ажратиб олиш жараёни бактерия штаммларидан стандарт протоколлар асосида амалга оширилди. Ажратилган ДНК намунаси РТ-ПЗР таҳлили учун матрица сифатида ишлатилди. Амплификация жараёнида *mecA* генининг махсус праймерлари қўлланилиб, MRSA штаммлари генотипик жиҳатдан тасдиқланди. РТ-ПЗР натижаларининг тўғри бажарилганлигини ҳамда ажратилган ДНК фрагментларининг спецификлигини баҳолаш мақсадида гел-электрофорез усули қўлланилди. Бунинг учун 2% агароза гели тайёрланиб, амплификация маҳсулотлари электрофоретик таҳлилдан ўтказилди. Электрофорез жараёни 100 V кучланишда 35 минут давомида олиб борилди. ДНК фрагментларининг миграцияси натижасида *mecA* ген ампликонларининг ўлчамлари аниқланди. Гел-электрофорез таҳлили РТ-ПЗР усулининг тўғри бажарилганлигини, шунингдек бактерия штаммларидан ДНК нуклеотидларини ажратиб олиш ва амплификация жараёнларига методик жиҳатдан тўғри ёндашилганлигини тасдиқлади. Олинган натижалар асосида *mecA* генининг мавжудлиги MRSA штаммларини ишончли тасдиқлаш имконини берди. Тадқиқот натижалари статистик жиҳатдан таҳлил қилиниб, олинган маълумотлар фоиз кўрсаткичлари ва нисбий частоталар кўринишида баҳоланди.

НАТИЖАЛАР. Тадқиқот давомида жами 252 та клиник биологик намуна микробиологик ва молекуляр-генетик таҳлилдан ўтказилди. Намуналарнинг асосий қисмини томоқ-бурун суртмалари ташкил этди - 198 та (78,6%). Шунингдек, балғам намуналари 27 та (10,7%), пешоб намуналари 18 та (7,1%) ва вена қони намуналари 9 та (3,6%) ни ташкил қилди. Олинган натижалар клиник материаллар таркибида юқори нафас йўллари намуналари устунлигини кўрсатди, бу эса *S aureus* инфекцияларининг ушбу локализацияда кўпроқ учрашини тасдиқлайди.

212 та MRSA штаммларини РТ-ПЗР усулда *mecA* генларини мавжудлиги баҳоланди ҳамда коагулаза манфий *Staphylococcus spp* штаммларида *mecA* гени мавжудлигини аниқлаш мақсадида 40 та беморларнинг томоқ-бурнидан олинган суртмалар тўғридан-тўғри РТ-ПЗР усулда текширилди. Бактериологик текширувларда тасдиқланган MRSA штаммларининг ДНКсини аниқлаш учун РТ-ПЗР усули сифатини баҳолаш мақсадида 3 та каналининг таҳлил ўтказилди. Бизга маълумки, FAM/Green канали *S. aureus* бактериясининг умумий мавжудлигини аниқлаш учун. Yellow канали-метициллинга чидамлиликини таъминловчи



URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO'YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

mecA генининг мавжудлигини кўрсатади. ROX канали - альтернатив чидамлилиikka оид кўшимча ген ёки контроль генини аниқлайди.

Жадвалдан кўришиб турибдики, таҳлил қилинган 212 та намунанинг 165 тасида барча каналлар мусбат натижа берган-бу *mecA* генининг мавжудлигини ва метициллинга чидамли MRSA штаммларини тасдиқлайди. Қолган 47 та намунада фақат FAM/Green канали позитив бўлиб, Yellow канали негатив натижа берган, бу эса метициллинга сезувчан *Staphylococcus aureus* (MSSA) штаммларининг мавжудлигини кўрсатади.

MRSA даражаси (66.7%) аҳолида ва клиник шароитда метициллинга чидамли *S. aureus* кенг тарқалганлигини кўрсатади. Бу антибиотикларга резистентлик муаммосининг жиддийлигини акс эттиради(1-жадвал).

MSSA сони (30.6%) ҳозирги вақтда баъзи ҳолатларда стандарт β-лактам антибиотиклар ҳали ҳам самарали бўлаётганини кўрсатади. MRCoNS ҳолатлари (5.6%)- CoNS штаммларида ҳам *mecA* ген борлиги таҳлилнинг юқори сезгирлигини ва эҳтимолий янгиликларни кўрсатади. Бизнинг тадқиқотимизда қайд этилган натижалар *Staphylococcus spp* бактериялари келтириб чиқарадиган инфекциялар назорати ва антибиотик сиёсатини қайта кўриб чиқишни тавсия этади.

1-жадвал

S. AUREUS намуналарида PT-ПЗР усули орқали 3 та каналнинг таҳлили

№	Намуналар сони	FAM/Green (<i>S. aureus</i>)	Yellow канали (<i>mecA</i> ген)	ROX канали (<i>mecA</i> ген назорат канал)	Натижа
1	165	+	+	+	MRSA
2	47	+	-	+	MSSA
Жами	212	212	165	212	

Жами таҳлил қилинган 40 та беморларнинг томоқ-бурнидан олинган суртмалар намуналардан *Staphylococcus spp* туркуми ДНК си 36 штаммда аниқланди. Умуман аниқланмаганлар 3 та намунани ташкил қилди. Натижаларга кўра, MRSA 24 (66.7%) та намуналаримизда, MSSA 11 (30.6%) та намуналаримизда, MRCoNS метициллинга чидамли коагулаза негатив *Staphylococcus* 2 (5.6%) та намуналаримизда аниқланди. Бизнинг натижаларда бир вақтнинг ўзида *S. aureus* ДНК си аниқланмаган бўлса ҳам, *mecA* ген борлиги сабабли MRCoNS сифатида қайд этилган (2-жадвал).

2-жадвал

Томоқ-бурундан олинган суртмалар тўғридан-тўғри PT-ПЗР усулда аниқланган *Staphylococcus spp* туркуми сони

<i>Staphylococcus</i> туркуми	сон	Фоизда
MRSA	24	60%



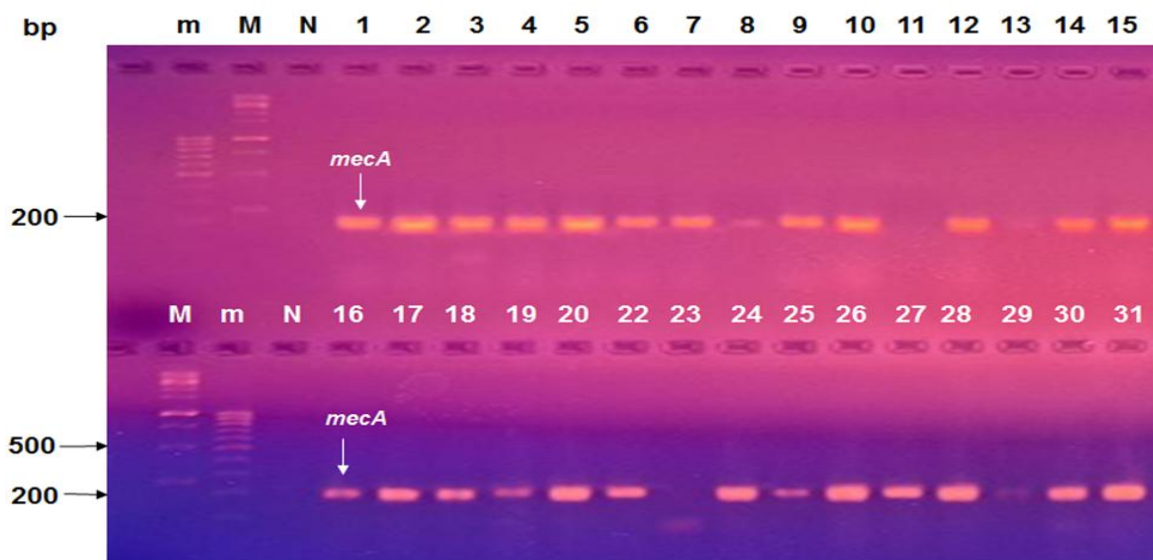
URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO‘YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

MSSA	11	27,5%
MRCoCS	2	5%
Умуман аниқланмаган	3	7,5%
Жами	40	100%

РТ-ПЗР ампликонлардаги *mecA* гени фрагментларини ўлчаш мақсадида 165 та бактериологик усулдан кейин ва 40 та беморлардан тўғридан-тўғри олинган суртмалардан РТ-ПЗР усулда аниқланган MRSA ампликонлари 2 % агароза гелида гел-электрофез таҳлилини олиб борилди. Гел-электрофорограмма йўлакларини таҳлил қиладиган бўлсак, м-ДНК белгиси 100 bp (base pair-нуклеотид жуфтлари) М-ДНК белгиси 1500 bp; N-назорат қилиш (20мкл сув тўлдирилган бўлиб) кўрсаткичлар орқали кўришимиз мумкин. Тадқиқотларимизда маҳаллий *S. aureus* штаммлари орасида молекуляр массаси 200 bp бўлган *mecA* генини ташувчи MRSA изолятлари аниқланди (6-расм).



6-расм. MRSA *mecA* ген ампликонларининг электрофорограммаси

Бу натижа, MRSA штаммларининг генетик хосликлари ва уларнинг бошқа мамлакатлардаги штаммлар билан ўхшашлигини ўрганиш учун асос бўлади. Дунёдаги турли мамлакатларда олинган MRSA штаммларининг ПЦР маҳсулотлари ўрганилган. Масалан, Ҳиндистондаги тадқиқотларда, MRSA штаммлари *mecA* гени учун тахминан 162 bp ПЦР маҳсулотларига эга эканлиги аниқланган. Бу натижалар, ҳар бир мамлакатдаги MRSA штаммларининг молекуляр хосликлари ўзгариши мумкинлигини кўрсатади. Шунинг учун, маҳаллий MRSA штаммларининг молекуляр хосликларини аниқлаш, уларнинг бошқа мамлакатлардаги штаммлар билан ўхшашлигини ёки фарқини кўрсатиш учун муҳимдир. MRSA штаммларининг молекуляр хосликларини ўрганиш, уларнинг эпидемиологиясини тушуниш ва антибиотикларга чидамлилиқ механизмларини аниқлаш учун муҳимдир.

Бундан ташқари тадқиқотимизда MRSA штаммларининг 200 bp билган ҳолда *SCCmec* 15 та типидан қайси бири мамлакатимизда тарқалганлигини билишимиз мумкин. Москванинг “Синтол” компанияси томонидан синтез қилинган 12 жуфт примерлар (олигонуклеотидлар)



URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO'YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

кетма-кетлиги ва молекуляр оғирлиги берилган бўлиб, бизнинг штаммлар *SCCmec IVc* типга мансублиги аниқланди. Бу натижалар, ҳар бир мамлакатдаги MRSA штаммларининг молекуляр хосликлари ўзгариши мумкинлигини кўрсатади. Шунинг учун, маҳаллий MRSA штаммларининг молекуляр хосликларини аниқлаш, уларнинг бошқа мамлакатлардаги штаммлар билан ўхшашлигини ёки фарқини кўрсатиш учун муҳимдир.

МУҲОКАМА. Ушбу тадқиқот натижалари маҳаллий клиник намуналарда *S. aureus*, айниқса метициллинга чидамли штаммлар (MRSA) кенг тарқалганлигини кўрсатди. Жами 252 та клиник биологик намунанинг таҳлил қилинишида томоқ-бурун суртмалари улушининг юқори бўлиши (78,6%) юқори нафас йўллари инфекцияларида *S. aureus* нинг муҳим этиологик аҳамиятга эга эканлигини тасдиқлайди. Бу ҳолат адабиётларда келтирилган маълумотлар билан ҳам мос келади, яъни *S. aureus* кўпинча назофарингеал колонизация манбаи сифатида қайд этилади ва кейинчалик инвазив инфекцияларга сабаб бўлиши мумкин. РТ-ПЗР таҳлилида 212 та бактериологик жиҳатдан тасдиқланган *S. aureus* штаммларининг 165 тасида *mecA* ген аниқлангани, яъни MRSA даражаси 77,8% ни ташкил этгани маҳаллий шароитда метициллинга чидамли штаммларнинг юқори тарқалганлигини кўрсатади. Бу кўрсаткич халқаро маълумотлар билан солиштирилганда айрим мамлакатларда қайд этилган кўрсаткичлардан юқори ҳисобланади. Масалан, Европа давлатларида MRSA улуши одатда 15–35% атрофида бўлса, айрим Осиё мамлакатларида 50–70% гача етиши мумкин. Бизнинг натижаларимиз маҳаллий штаммлар орасида антибиотикларга резистентликнинг жиддий эпидемиологик муаммо эканлигини кўрсатади. FAM/Green, Yellow ва ROX каналлари бўйича олинган натижалар РТ-ПЗР усулининг юқори сезгирлик ва спецификликка эга эканлигини тасдиқлади. Хусусан, FAM/Green каналининг барча 212 намунада мусбат чиқиши *S. aureus* ДНКсининг ишончли аниқланганлигини кўрсатса, Yellow каналининг 165 намунада позитив чиқиши *mecA* генининг мавжудлигини тасдиқлади. ROX каналининг контроль функцияси эса таҳлил жараёнида методик хатолар йўқлигини кўрсатди. Бу ҳолат молекуляр диагностикада ички назорат каналларидан фойдаланишнинг аҳамиятини яна бир бор исботлайди.

Тўғридан-тўғри клиник намуналардан олинган 40 та суртмада *Staphylococcus spp.* ДНКсининг 36 ҳолатда аниқлангани РТ-ПЗР усулининг бактериологик усулларга нисбатан тезкорлигини кўрсатади. Ушбу гуруҳда MRSA улуши 60%, MSSA — 27,5%, MRCoNS — 5% ни ташкил этди. Айниқса, *S. aureus* ДНКси аниқланмаган ҳолда *mecA* генининг мавжудлиги билан MRCoNS сифатида баҳоланган намуна Coagulase-negative staphylococci штаммларида ҳам резистентлик генлари кенг тарқалганлигини кўрсатади. Бу ҳолат клиник амалиётда фақат *S. aureus* эмас, балки CoNS штаммларини ҳам эпидемиологик назорат қилиш зарурлигини кўрсатади.

Гел-электрофорез таҳлилларида молекуляр массаси 200 bp бўлган *mecA* ген ампликонларининг аниқланиши маҳаллий MRSA изолятларининг молекуляр-генетик хусусиятларини баҳолашда муҳим натижа бўлди. Халқаро тадқиқотларда, жумладан Ҳиндистонда ўтказилган ишларида *mecA* ген ампликонлари тахминан 162 bp атрофида қайд этилган. Бизнинг тадқиқотда 200 bp фрагмент аниқлангани маҳаллий штаммларда генетик вариантлар ёки праймер дизайнига боғлиқ молекуляр фарқлар мавжуд бўлиши мумкинлигини кўрсатади. Бу натижа маҳаллий штаммларнинг дунёдаги бошқа штаммлардан



URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO'YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

муайян даражада фарқ қилишини кўрсатиши мумкин ва уларнинг филогенетик таҳлили учун муҳим асос бўлади.

Тадқиқотнинг яна бир муҳим натижаси SCCmec типлаш билан боғлиқ. 12 жуфт олигонуклеотид праймерлар ёрдамида маҳаллий MRSA штамmlарининг SCCmec IVc типига мансублиги аниқланди. SCCmec IV тип кўп ҳолларда жамоатда тарқалувчи MRSA (CA-MRSA) штамmlарига хос ҳисобланади. Бу эса маҳаллий популяцияда MRSA инфекцияларининг фақат стационар муҳитда эмас, балки жамоатда ҳам кенг тарқалганлигини кўрсатади. SCCmec IVc типнинг аниқланиши мамлакатимизда MRSA эпидемиологиясини баҳолашда янги илмий маълумот сифатида муҳим аҳамиятга эга. Чунки ушбу тип антибиотикларга чидамлик ва вирулентлик омиллари билан боғлиқ бўлиб, инфекция назорати стратегияларини қайта кўриб чиқишни талаб қилади.

Олинган натижалар маҳаллий MRSA штамmlарининг юқори тарқалганлиги, *mecA* генининг кенг учраши ва SCCmec IVc тип устунлигини кўрсатди. Бу эса клиник амалиётда антибиотик танлаш сиёсати, инфекция назорати ва молекуляр мониторинг тизимини такомиллаштириш зарурлигини кўрсатади.

ХУЛОСА.

1. Клиник биологик намуналар таркибида юқори нафас йўллари намуналари устунлиги аниқланди. Тадқиқот давомида таҳлил қилинган 252 та намунанинг 198 тасини (78,6%) томоқ-бурун суртмалари ташкил этди. Бу ҳолат *Staphylococcus aureus* инфекцияларининг асосан юқори нафас йўлларида кўпроқ учрашини ва назофарингеал колонизациянинг муҳим эпидемиологик аҳамиятга эга эканлигини кўрсатди.

2. Маҳаллий *S. aureus* штамmlари орасида MRSA улуши юқори даражада эканлиги тасдиқланди. РТ-ПЗР усулида 212 та бактериологик тасдиқланган *S. aureus* штамmlарининг 165 тасида *mecA* гени аниқланди, бу эса 77,8% MRSA ва 22,2% MSSA улушини ташкил қилди. Ушбу кўрсаткич маҳаллий клиник муҳитда метициллинга чидамли штамmlарнинг кенг тарқалганлигини кўрсатади.

3. Тўғридан-тўғри клиник намуналарда ҳам MRSA юқори даражада учраши кузатилди. 40 та бемордан олинган томоқ-бурун суртмаларини РТ-ПЗР усулида текшириш натижасида 24 та ҳолатда (60%) MRSA, 11 та ҳолатда (27,5%) MSSA ва 2 та ҳолатда (5%) MRCoNS аниқланди. Бу натижа молекуляр диагностика усулининг тезкор ва юқори сезгир эканлигини тасдиқлади.

4. *mecA* генининг молекуляр фрагменти ва генетик хусусиятлари аниқланди. 2% агароза гелида ўтказилган гел-электрофорез таҳлилида маҳаллий MRSA изолятларида молекуляр массаси 200 bp бўлган *mecA* ген ампликонлари аниқланди. Бу натижа маҳаллий штамmlарнинг молекуляр-генетик хусусиятларини баҳолаш ва халқаро штамmlар билан таққослаш учун муҳим асос бўлиб хизмат қилди.

5. Маҳаллий MRSA штамmlарида SCCmecIVc тип устунлиги қайд этилди. Олигонуклеотид праймерлар ёрдамида ўтказилган SCCmec типлаш натижасида штамmlарнинг SCCmecIVc типига мансублиги аниқланди. Бу ҳолат жамоатда тарқалувчи MRSA (CA-MRSA) штамmlарининг маҳаллий популяцияда кенг тарқалганлигини кўрсатиб, инфекция назорати ва антибиотик сиёсатини қайта кўриб чиқиш зарурлигини асослайди.



URGANCH DAVLAT TIBBIYOT INSTITUTI JANUBIY OROLBO'YI TIBBIYOT JURNALI

2 - TOM, 3/1 - SON. 2026

14.00.00 - TIBBIYOT FANLARI ISSN: 3093-8740

ФОЙДАЛАНИЛГАН АДАБИЁТЛАР РЎЙХАТИ

1. Ambade, S. S., Gupta, V. K., Bhole, R. P., Khedekar, P. B., & Chikhale, R. V. (2023). A review on five and six-membered heterocyclic compounds targeting the penicillin-binding protein 2 (PBP2A) of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). *Molecules*, 28(20), 7008.
2. Gurung, R. R., Maharjan, P., & Chhetri, G. G. (2020). Antibiotic resistance pattern of *Staphylococcus aureus* with reference to MRSA isolates from pediatric patients. *Future science OA*, 6(4), FSO464.
3. Chen, H., Yin, Y., van Dorp, L., Shaw, L. P., Gao, H., Acman, M., ... & Balloux, F. (2021). Drivers of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) lineage replacement in China. *Genome medicine*, 13(1), 171.
4. Khairullah, A. R., Rehman, S., Sudjarwo, S. A., Effendi, M. H., Ramandinianto, S. C., Gololodo, M. A., ... & Kurniawati, D. A. (2022). Detection of *mecA* gene and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from milk and risk factors from farms in Probolinggo, Indonesia. *F1000Research*, 11, 722.
5. Nataraj, B. H., & Mallappa, R. H. (2021). Antibiotic resistance crisis: an update on antagonistic interactions between probiotics and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). *Current microbiology*, 78(6), 2194-2211.
6. Verma, R., Verma, S. K., Rakesh, K. P., Girish, Y. R., Ashrafizadeh, M., Kumar, K. S. S., & Rangappa, K. S. (2021). Pyrazole-based analogs as potential antibacterial agents against methicillin-resistance *staphylococcus aureus* (MRSA) and its SAR elucidation. *European journal of medicinal chemistry*, 212, 113134.
7. Nikolic, I., Aleksic Sabo, V., Gavric, D., & Knezevic, P. (2024). Anti-*Staphylococcus aureus* activity of volatile phytochemicals and their combinations with conventional antibiotics against methicillin-susceptible *S. aureus* (MSSA) and methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA) strains. *Antibiotics*, 13(11), 1030.
8. Nandhini, P., Kumar, P., Mickymaray, S., Alothaim, A. S., Somasundaram, J., & Rajan, M. (2022). Recent developments in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) treatment: a review. *Antibiotics*, 11(5), 606.
9. Abebe, A. A., & Birhanu, A. G. (2023). Methicillin resistant *Staphylococcus aureus*: molecular mechanisms underlying drug resistance development and novel strategies to combat. *Infection and drug resistance*, 7641-7662.
10. Alghamdi, B. A., Al-Johani, I., Al-Shamrani, J. M., Alshamrani, H. M., Al-Otaibi, B. G., Almazmomi, K., & Yusof, N. Y. (2023). Antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Saudi journal of biological sciences*, 30(4), 103604.