



SUN'IY INTELLEKT VA MA'LUMOTLAR TAHLILI YORDAMIDA INSON GENOMI TADQIQI

Hudoyberdiyeva Muxayyo Halimovna

Farg'ona ICHSHUI maxsus texnikum

o'qituvchisi

Annotatsiya. Ushbu maqolada sun'iy intellekt (SI) va zamonaviy ma'lumotlar tahlili usullari inson genomini o'rganishda qanday qo'llanilishi ko'rib chiqilgan. Genomika sohasida katta hajmdagi biologik ma'lumotlarni qayta ishlashda mashinali o'qitish algoritmlari, neyron tarmoqlar va bioinformatika vositalari muhim ahamiyat kasb etmoqda. Maqolada SI yordamida genotipik variantlarni aniqlash, kasalliklarni bashorat qilish va shaxsiylashtirilgan tibbiyot yo'nalishlarini rivojlantirish masalalari tahlil etilgan. Tadqiqot natijalari ko'rsatadiki, SI texnologiyalari genomika sohasida inqilob yasash salohiyatiga ega.

Kalit so'zlar: sun'iy intellekt, genomika, mashinali o'qitish, bioinformatika, DNK, neyron tarmoqlar, shaxsiylashtirilgan tibbiyot.

Аннотация. В данной статье рассматривается применение искусственного интеллекта (ИИ) и современных методов анализа данных в изучении генома человека. Алгоритмы машинного обучения, нейронные сети и инструменты биоинформатики приобретают все большее значение в обработке больших объемов биологических данных в области геномики. В статье анализируются вопросы идентификации генотипических вариантов, прогнозирования заболеваний и разработки персонализированной медицины с использованием ИИ. Результаты исследования показывают, что технологии ИИ обладают потенциалом для революционизации области геномики.

Ключевые слова: искусственный интеллект, геномика, машинное обучение, биоинформатика, ДНК, нейронные сети, персонализированная медицина.



Abstract. This article examines how artificial intelligence (AI) and modern data analysis methods are used in the study of the human genome. Machine learning algorithms, neural networks, and bioinformatics tools are becoming increasingly important in processing large amounts of biological data in the field of genomics. The article analyzes the issues of identifying genotypic variants, predicting diseases, and developing personalized medicine using AI. The results of the study show that AI technologies have the potential to revolutionize the field of genomics.

Keywords: artificial intelligence, genomics, machine learning, bioinformatics, DNA, neural networks, personalized medicine.

KIRISH

Inson genomi - bu har bir odamning biologik identifikatorini tashkil etuvchi 3 milliarddan ortiq nukleotid juftligidan iborat bo'lgan ulkan ma'lumotlar to'plami. 2003-yilda Human Genome Project (Inson Genomi Loyihasi) tugallanganidan buyon, olimlar bu ma'lumotlarni tahlil qilish va kasalliklarni davolashda qo'llashning yangi yo'llarini izlamoqdalar.

Zamonaviy texnologiyalar, xususan sun'iy intellekt va chuqur o'qitish usullari, genomik ma'lumotlarni jadal sur'atlarda qayta ishlash imkonini bermoqda. Bu esa ilgari o'n yillar talab etgan tadqiqotlarni haftalar yoki kunlar ichida amalga oshirish imkonini yaratmoqda.

Ushbu maqolaning maqsadi - texnikum talabalari uchun SI va genomika kesishmasidagi eng muhim yo'nalishlar, usullar va erishilgan yutuqlarni tushunilishi oson tarzda bayon etishdan iborat.

GENOMIKA ASOSLARI VA SUN'IY INTELLEKT

Genomik ma'lumotlar tabiati

Inson genomi to'rtta nukleotid bazasi (adenin - A, timin - T, guanin - G, sitozin - S) ketma-ketligidan iborat. Bu ketma-ketlik DNK iplarida joylashgan bo'lib, ular xromosomalar ko'rinishida hujayra yadrosida saqlanadi. Har bir inson



genomida taxminan 20,000–25,000 gen mavjud bo‘lib, ular oqsillar sintezini boshqaradi.

Genomik ma'lumotlarning hajmi juda katta: bir inson genomining to‘liq ketma-ketligi taxminan 3 gigabayt hajmni egallaydi. Millionlab odamlarning genomlarini o‘rganish esa petabaytlarga teng ma'lumotlar bilan ishlashni talab etadi.

Sun'iy intellektning roli

Sun'iy intellekt - bu kompyuter dasturlari va algoritmlar to‘plami bo‘lib, ular insoniy aqlga xos vazifalarni bajara oladi. Genomikada SI quyidagi usullar orqali qo‘llaniladi:

- Mashinali o‘qitish (Machine Learning) - mavjud ma'lumotlar asosida yanginaqshlarni topish
- Chuqur o‘qitish (Deep Learning) - neyron tarmoqlar yordamida murakkab genomik ma'lumotlarni tahlil qilish
- Tabiiy tilni qayta ishlash (NLP) - ilmiy adabiyotlardan genetik ma'lumotlarni avtomatik ajratib olish
- Kompyuter ko‘rishi (Computer Vision) - tibbiy tasvir va xromosoma rasmlarini tahlil qilish

Jadval 1. Genomikada qo‘llaniladigan SI algoritmlari

| SI algoritmi | Qo‘llanish sohasi | Aniqlik darajasi |
|--------------------------------|--------------------------|------------------|
| Random Forest | Kasallik bashorati | 85–92% |
| Konvolyutsion neyron tarmoq | DNK ketma-ketlik tahlili | 90–96% |
| Rekurrent neyron tarmoq (LSTM) | Gen ekspressiyasi | 88–94% |
| Transformer modellari (BERT) | Genomik annotatsiya | 92–98% |
| Support Vector Machine | Onkogen aniqlash | 83–90% |



SUN'IY INTELLEKTNING GENOMIKADAGI QO'LLANISH SOHALARI

Kasalliklarni bashorat qilish va diagnostika

Sun'iy intellekt algoritmlaridan foydalanib, genetik variantlar va kasalliklar o'rtasidagi bog'liqlikni aniqlash mumkin. Masalan, BRCA1 va BRCA2 genlaridagi mutatsiyalar ko'krak bezi saratoni rivojlanishi xavfini sezilarli darajada oshiradi. SI modellari bunday mutatsiyalarni erta aniqlash orqali profilaktik choralarga imkon beradi.

DeepMind kompaniyasining AlphaFold dasturi oqsillar uch o'lchamli tuzilmasini bashorat qilishda inqilob yasadi. Bu kashfiyot yangi dori-darmonlarni ishlab chiqishni sezilarli darajada tezlashtirdi.

Shaxsiylashtirilgan tibbiyot

Shaxsiylashtirilgan tibbiyot - bu har bir bemorning individual genetik profiliga asoslangan davolash yondashuvi. SI yordamida bemorning genomini tahlil qilish orqali quyidagilar hal etilishi mumkin:

- Dori-darmonlarga individual reaksiyani oldindan aniqlash (farmakogenomika)
- Saraton hujayralarining genetik profilini tahlil qilib, maqsadli terapiyani tanlash
- Nasliy kasalliklar xavfini baholash va profilaktik chora ko'rish
- Optimal davolash rejimini individual tarzda ishlab chiqish

Bioinformatika va genomik ma'lumotlar tahlili

Bioinformatika - biologiya va informatika kesishmasidagi fan bo'lib, u genomik ma'lumotlarni qayta ishlash uchun maxsus algoritmlar va dasturiy ta'minotlardan foydalanadi. Zamonaviy SI asosidagi bioinformatika vositalari:

- GATK (Genome Analysis Toolkit) - genetik variantlarni aniqlash uchun
- DeepVariant - Google ishlab chiqqan neyron tarmoq asosidagi variant chaqiruvvositasi
- Salmon va kallisto - gen ekspressiyasini o'lchash uchun
- AlphaFold2 - oqsil tuzilmasini bashorat qilish uchun



KATTA HAJMLI GENOMIK TADQIQOTLAR VA SI

Genome-Wide Association Studies (GWAS)

GWAS - bu katta populyatsiyalar bo'yicha genomdagi keng tarqalgan variantlarni kasalliklar bilan bog'liqligi jihatidan o'rganuvchi usul. Millionlab odamlarning genomini tahlil qilishda SI algoritmlari ko'plab afzalliklarga ega.

An'anaviy statistik usullar bir vaqtning o'zida faqat alohida genetik variantlarni o'rganishga qodir bo'lsa, SI modellari minglab variantlar o'rtasidagi murakkab o'zaro ta'sirlarni bir vaqtda tahlil qila oladi. Bu esa kasallik rivojlanishidagi poligenik (ko'p genli) omillarni aniqlashda muhim ahamiyat kasb etadi.

Epigenetika va SI

Epigenetika - DNK ketma-ketligining o'zgarishidan, gen faolligining o'zgarishi bilan bog'liq jarayonlarni o'rganuvchi fan. SI algoritmlari epigenetik markerlarni (DNK metillanishi, giston modifikatsiyalari) tahlil qilib, kasalliklar bilan bog'liq naqshlarni aniqlay oladi.

MUAMMOLAR VA KELAJAK ISTIQBOLLARI

Mavjud muammolar

Sun'iy intellektning genomikada qo'llanilishida bir qator jiddiy muammolar mavjud:

- Ma'lumotlar xilma-xilligi: Ko'plab genomik ma'lumotlar to'plamlari ma'lum etnikguruhlardan olingan
- Maxfiylik muammolari: Genomik ma'lumotlar juda shaxsiy bo'lib, ularni himoya qilish muhim etik masala
- 'Qora quticha' muammosi: Chuqur o'qitish modellari ko'pincha o'z qarorlarini izohlay olmaydi
- Katta hisoblash resurslari: SI modellarini o'qitish uchun ulkan hisoblash quvvati talabetiladi
- Sifatli o'qitish ma'lumotlari tanqisligi: Annotatsiyalangan genomik ma'lumotlaryetarli emas

Kelajak istiqbollari



Ushbu muammolarga qaramasdan, SI va genomikaning integratsiyasi kelajakda tibbiyotni tubdan o'zgartirishi kutilmoqda:

- Nasliy kasalliklarni tug'ilishdan oldin aniqlash va gen terapiyasi
- Har bir inson uchun individual davolash protokollarini ishlab chiqish
- Yangi dori-darmonlarni kashf etish sur'atini tezlashtirish
- Saraton kasalligini erta bosqichda aniqlash va maqsadli davolash
- Organizmning qariish jarayonlarini genetik darajada boshqarish

Jadval 2. SI-genomika sohasidagi muhim yutuqlar (2010–2025)

| Yil | Yutuq | Ahamiyati |
|---------|--------------------------|-----------------------------------|
| 2012 | Deep Learning genomikada | Splicingni bashorat qilish |
| 2016 | DeepMind WaveNet | Genomik signallar tahlili |
| 2018 | BERT modeli | Biologik ketma-ketliklar tahlili |
| 2020 | AlphaFold2 | Oqsil tuzilmasini bashorat qilish |
| 2022 | ESMFold | Tez oqsil foldingi |
| 2024-25 | Multimodal genomik SI | Gen-muhit o'zaro ta'siri |

XULOSA

Sun'iy intellekt va ma'lumotlar tahlili usullari inson genomini o'rganishda yangi davrni boshlab berdi. Mashinali o'qitish, chuqur neyron tarmoqlar va bioinformatika vositalari yordamida genomik ma'lumotlarni tezkor va aniq tahlil qilish imkoni vujudga keldi.

Ushbu texnologiyalar kasalliklarni erta aniqlash, shaxsiylashtirilgan davolash rejimlarini ishlab chiqish va yangi dori vositalarini kashf etishda inqilobiy ahamiyat kasb etmoqda. Biroq maxfiylik, ma'lumotlar xilma-xilligi va algoritmlarning shaffof bo'lmashligi kabi muammolarni hal qilish kelajak tadqiqotchilarining muhim vazifasi hisoblanadi.



Texnikum talabalari sifatida biz bu sohadagi yutuqlarni kuzatib borish va genomika hamda sun'iy intellekt asoslarini o'rganish orqali kelajakdagi tibbiy texnologiyalar rivojiga hissa qo'shishga tayyor bo'lishimiz kerak.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR:

1. Jumper J. et al. (2021). Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. *Nature*, 596,583–589.
2. Poplin R. et al. (2018). A universal SNP and small-indel variant caller using deep neural networks. *Nature Biotechnology*, 36, 983–987.
3. Eraslan G. et al. (2019). Deep learning: new computational modelling techniques for genomics. *Nature Reviews Genetics*, 20, 389–403.
4. Leung M.K. et al. (2016). Machine learning in genomic medicine. *Proceedings of the IEEE*, 104(1),176–197.
5. Ioannidis N.M. et al. (2016). REVEL: An ensemble method for predicting the pathogenicity of raremissense variants. *American Journal of Human Genetics*, 99, 877–885.
6. Eshbekovich, U. J., Norboevich, T. B., Jumaevich, E. N., Davronovich, Q. I., Fayzullayevich, R. J., & Jabbor Kizi, E. M. (2024). Incentives for Mental Development in the Ecopsychological Characteristics of Future Primary School Teachers. *Journal of Computational Analysis & Applications*, 33(7).
7. Qodirov, I. (2020). Zamonaviy umumta'lim maktablari boshqaruvida rahbarlik mahorati va mas' uliyati. *Xalq ta'limi*, 55-60.
8. Qodirov, I. D., & Kadyrov, I. D. (2021). Tarix fanini o 'qitish samaradorligini oshirishda innovatsion texnologiyalardan foydalanish. *Science and Education*, 2(Special Issue 1), 106-113.
9. Qodirov, I. (2025). THE IMPORTANCE OF ANDRAGOGICAL THEORIES IN THE MODERN EDUCATION SYSTEM. *SHOKH LIBRARY*, 1(11).
10. Qodirov, I. (2024). BO 'LAJAK O 'QITUVCHILARNI INNOVATSION FAOLIYATGA TAYYORLASH PEDAGOGIK MUAMMO SIFATIDA.



O'ZBEKISTONDA FANLARARO INNOVATSIYALAR VA ILMIY TADQIQOTLAR JURNALI, 3(34), 332-335.

11. Qodirov, I. D. (2023). Development of professional competence of students within the framework of educational cluster on the base of personalized educational technologies. *Web of Scientist*, 4(1), 347-355.

12. Qodirov, I. D. (2024). RAQAMLI PEDAGOGIKA–DAVR TALABI. TA'LIMDA RAQAMLI TRANSFORMATSIYA: HOLATI VA ISTIQBOLLARI, 1(1), 662-665.

13. Qodirov, I. D. (2024). Person-centered educational technologies within the educational cluster. In *International cappadocia scientific research congress* (Vol. 1, No. 1, pp. 1141-1146).

14. O'zbekiston Respublikasi Sog'liqni saqlash vazirligi. (2024). *Tibbiy texnologiyalar rivojlantirishdasturi 2024–2030*. Toshkent.