SUN'IY INTELLEKT TEXNOLOGIYALARINING GENETIK TADQIQOTLAR, IMMUNOGENETIKA VA HUJAYRA TEXNOLOGIYALARIDA QO'LLANILISHI: IMKONIYATLAR VA ISTIQBOLLAR

Nurullayev Sardorbek Xushnudovich
Urganch Davlat tibbiyot instituti assistenti
Ro`zimboyeva Jannatxon Muzaffar qizi
Urganch Davlat tibbiyot instituti talabasi
https://doi.org/10.5281/zenodo.23209836

Mavzuning dolzarbligi. Keyingi o'n yillikda yangi avlod sekvenirlash (NGS) texnologiyalari, bir hujayrali transkriptomika va yuqori o'tkazuvchanlikdagi mikroskopiya natijasida biologik ma'lumotlar hajmi keskin ortdi. Bunday ko'lamdagi ma'lumotlarni an'anaviy statistik usullar bilan to'liq tahlil qilish qiyinlashib bormoqda. Shu sababli sun'iy intellekt, xususan, mashinali va chuqur o'rganish usullari zamonaviy tibbiy-biologik tadqiqotlarning ajralmas vositasiga aylanmoqda . O'zbekistonda ham ushbu yo'nalish davlat siyosati darajasida qo'llab-quvvatlanib, sun'iy intellekt texnologiyalarini turli sohalarga, jumladan, sog'liqni saqlashga joriy etish vazifasi belgilangan.

Tadqiqot maqsadi. Genetik tadqiqotlar, immunogenetika va hujayra texnologiyalarida qo'llanilayotgan SI usullarini tizimlashtirish, ularning afzallik va cheklovlarini aniqlash hamda mahalliy ilmiy-tadqiqot va ta'lim amaliyotiga tatbiq etish bo'yicha taklif ishlab chiqish.

Materiallar va usullar. Tadqiqotda Nature, Science, Cell, Nucleic Acids Research kabi nufuzli nashrlarda chop etilgan ilmiy maqolalar, ochiq bioinformatik vositalar tavsiflari hamda O'zbekiston Respublikasining tegishli me'yoriy-huquqiy hujjatlari tahlil qilindi. Qiyosiy-tahliliy, tizimli yondashuv va kontent-tahlil usullaridan foydalanildi.

Olingan natijalar va muhokama. Chuqur o'rganishga asoslangan DeepVariant vositasi sekvenirlash ma'lumotlaridagi genetik variantlarni (SNP va kichik indellarni) aniqlash vazifasini tasvirni tasniflash masalasiga aylantirib, an'anaviy usullarga nisbatan yuqori aniqlikka erishgan. AlphaFold modeli esa oqsilning aminokislota ketma-ketligidan uning uch o'lchamli tuzilishini tajribaviy usullarga yaqin aniqlikda bashorat qildi. Bu mutatsiyalarning oqsil funksiyasiga ta'sirini baholash va irsiy kasalliklar mexanizmini o'rganishda yangi imkoniyat ochadi.

Inson leykotsitar antigenlari (HLA) tizimi yuqori polimorfizmga ega bo'lib, uning tahlili transplantologiya, autoimmun kasalliklar va vaksina ishlab chiqishda muhim ahamiyatga ega. Sun'iy neyron tarmoqlarga asoslangan NetMHCpan kabi vositalar peptidlarning turli HLA allellari bilan bog'lanishini bashorat qiladi. Bu T-hujayra epitoplarini tanlash, o'smaga qarshi shaxsiylashtirilgan vaksinalar yaratish va donor–retsipiyent mosligini baholash jarayonlarini tezlashtiradi.

Induksiyalangan pluripotent o'zak hujayralar (iPSC) va CRISPR-Cas9 genom tahriri hujayra terapiyasining asosiy vositalariga aylandi. SI bu yerda ikki yo'nalishda qo'llaniladi: birinchidan, mikroskopik tasvirlar asosida hujayra kulturalarining holati, differensiallanish darajasi va sifatini avtomatik baholash; ikkinchidan, CRISPR uchun yo'naltiruvchi RNK (gRNA) samaradorligi va nishondan tashqari ta'sirlarni bashorat qilish. Natijada tajribalar soni va xarajatlari kamayadi, natijalarning takror-lanuvchanligi oshadi.

© Ushbu material Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0) litsenziyasi asosida tarqatiladi.

SI modellarining samaradorligi o'qitish ma'lumotlarining sifati va vakilligiga bog'liq. Mavjud genom ma'lumotlar bazalarida Markaziy Osiyo populyatsiyalari yetarli darajada aks etmagan, bu esa mahalliy aholi uchun bashoratlar aniqligini pasaytirishi mumkin. Shuningdek, modellarning «qora quti» tabiati, genetik ma'lumotlar maxfiyligi va etik masalalar alohida e'tibor talab etadi.

Xulosa. Sun'iy intellekt texnologiyalari genetik tadqiqotlar, immunogenetika va hujayra texnologiyalarida tahlil tezligi va aniqligini oshiruvchi samarali vositaga aylangan. O'zbekistonda ushbu yo'nalishni rivojlantirish uchun quyidagilar maqsadga muvofiq: mahalliy populyatsiyaning genom va HLA ma'lumotlar bazasini shakllantirish; tibbiyot va biologiya yo'nalishidagi oliy ta'lim dasturlariga bioinformatika va SI asoslari fanlarini kiritish; biologlar, klinitsistlar va dasturchilarning fanlararo tadqiqot guruhlarini tashkil etish; genetik ma'lumotlarni himoya qilish bo'yicha me'yoriy-huquqiy bazani takomillashtirish.

Foydalanilgan adabiyotlar:

1. O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2021-yil 17-fevraldagi PQ-4996-son "Sun'iy intellekt texnologiyalarini jadal joriy etish uchun shart-sharoitlar yaratish chora-tadbirlari to'g'risida"gi qarori.
2. Topol E.J. High-performance medicine: the convergence of human and artificial intelligence // Nature Medicine. – 2019. – Vol. 25. – P. 44–56.
3. Jumper J. et al. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold // Nature. – 2021. – Vol. 596. – P. 583–589.
4. Poplin R. et al. A universal SNP and small-indel variant caller using deep neural networks // Nature Biotechnology. – 2018. – Vol. 36. – P. 983–987.
5. Reynisson B. et al. NetMHCpan-4.1 and NetMHCIIpan-4.0: improved predictions of MHC antigen presentation // Nucleic Acids Research. – 2020. – Vol. 48 (W1). – P. W449–W454.
6. Doudna J.A., Charpentier E. The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9 // Science. – 2014. – Vol. 346 (6213). – 1258096.
7. Takahashi K., Yamanaka S. Induction of pluripotent stem cells from mouse embryonic and adult fibroblast cultures by defined factors // Cell. – 2006. – Vol. 126 (4). – P. 663–676.

© Ushbu material Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0) litsenziyasi asosida tarqatiladi.