

УДК:616.07:616.98:004.8

MIKROBIOLOGIK TEKSHIRUVLAR NA-TIJALARINI TALQIN QILISHDA SUN'IY INTELLEKTNING ROLI

Xujaeva Shaxnoz Absamatovna

Alfraganus universiteti, Toshkent shahri, O'zbekiston Respublikasi

Annotatsiya.

Hozirgi paytda zamonaviy mikrobiologiya raqamli transformatsiya bosqichini boshdan kechirmoqda, ushbu transformatsiya asosini sun'iy intellekt (SI) texnologiyalari tashkil etadi. Mashinali hamda chuqur o'rganish usullarini qo'llash mikrobiologik ma'lumotlarni - tasvirlar va spektrlardan tortib, to genom ketma-ketliklar va metagenom profillargacha bo'lgan ma'lumotlar interpretatsiyasini avtomatlashtirish imkonini beradi. Maqolada mikrobiologik tadqiqotlarda sun'iy intellektidan foydalanishning asosiy yo'nalishlari: mikroorganizmlarni aniqlash, mikroblarga qarshi chidamlilikni bashorat qilish, metagenom ma'lumotlarni tahlil qilish va multiom axborot manbalarini integratsiyalash ko'rib chiqilgan. Ma'lumotlar sifati, modellarni talqin qilish, axloqiy va me'yoriy jihatlariga alohida e'tibor qaratilgan. Klinik mikrobiologiyaga sun'iy intellektni muvaffaqiyatli joriy etish ma'lumotlarni standartlashtirish, algoritmlarning shaffofligi va natijalarning ko'p markazli tasdiqlashni talab qilishi ko'rsatilgan.

Kalit so'zlar: sun'iy intellekt, mashinali o'rganish, mikrobiologiya, mikroblarga qarshi chidamlilik, MALDI-TOF (Matritsali faollashtirilgan lazerli desorbsiya/ionizatsiya va vaqt oralig'idagi mass-spektrometriya - Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization-Time-Of-Flight Mass Spectrometry), metagenomika, katta hajmdagi ma'lumotlar.

Аннотация.

Современная микробиология переживает этап цифровой трансформации, в центре которой находятся технологии искусственного интеллекта (ИИ). Применение методов машинного и глубокого обучения позволяет автоматизировать интерпретацию микробиологических данных — от анализа изображений и спектров до геномных последовательностей и метагеномных профилей. В статье рассмотрены ключевые направления использования ИИ в микробиологических исследованиях: идентификация микроорганизмов, прогнозирование антимикробной устойчивости, анализ метагеномных данных и интеграция мультиомных источников информации. Отдельное внимание уделено вопросам качества данных, интерпретируемости моделей, этическим и нормативным аспектам. Показано, что успешное внедрение ИИ в клиническую микробиологию требует стандартизации данных, прозрачности алгоритмов и многоцентриковой валидации результатов.

Ключевые слова: искусственный интеллект, машинное обучение, микробиология, антимикробная устойчивость, MALDI-TOF, метagenomika, большие данные.

Abstract.

Artificial Intelligence in the Interpretation of Microbiological Data
Modern microbiology is undergoing a digital transformation driven by Artificial Intelligence (AI). Machine learning and deep learning algorithms enable automated interpretation of microbiological data-from imaging and spectrometry to genomic and metagenomic analyses. This paper reviews the

main directions of AI application in microbiology: microbial identification, antimicrobial resistance prediction, metagenomic profiling, and multi-omics data integration. Issues of data quality, model interpretability, ethical and regulatory aspects are discussed. Successful implementation of AI in clinical microbiology requires data standardization, algorithm transparency, and multicenter validation.

Keywords: artificial intelligence, machine learning, microbiology, antimicrobial resistance, MALDI-TOF, metagenomics, big data.

Kirish. So'nggi yillarda, ayniqsa sun'iy intellekt (SI) texnologiyalarining paydo bo'lishi va jadal rivojlanishi natijasida, mikrobiologiya fani tibbiyot fanlari orasida eng tez o'sib borayotgan va innovatsion yutuqlarga ega bo'layotgan sohalardan biriga aylandi. SI imkoniyatlari mikrobiologik ma'lumotlarni katta hajmda tahlil qilish, mikroorganizmlarning turli shtammlarini tez va aniq aniqlash, ularning genetik tuzilishini o'rganish hamda antibiotiklarga chidamlilik darajasini bashorat qilish imkonini bermoqda. Shu bilan birga, sun'iy intellekt asosida yaratilgan modellar mikrobiotsenozlarning dinamikasini kuzatish, patogenlar tarqalishini prognoz qilish va yangi dori vositalarini ishlab chiqishda muhim ahamiyat kasb etmoqda.

Bugungi kunda laboratoriya va klinik amaliyotda SI texnologiyalari yordamida mikrobiologik ma'lumotlarni qayta ishlash jarayonlari avtomatlashtirilmogda, bu esa tadqiqot samaradorligini oshirish va tashxis qo'yishdagi inson xatolarini kamaytirishga xizmat qilmoqda.

Genlarni to'liq sekvenirlashdan tortib, mikroskopik preparatlar va MALDI-TOF spektrlari tasvirlarigacha bo'lgan ulkan hajmdagi ma'lumotlar tahlil va talqin qilishda yangi yondashuvlarni talab qilmoqda. An'anaviy bioinformatik usullar yetarlicha moslashuvchan emas va ko'p mehnat talab qiladi [1, 2].

Mashinali o'rganish (ML) va chuqur o'rganishni (DL) o'z ichiga olgan sun'iy intellekt qonuniyatlarni, mikroorganizmlar tasnifini avtomatik aniqlash, antimikrob chidamlilikni bashorat qilish va laboratoriya jarayonlarini optimallashtirish imkoniyatlarini ochib bermoqda [3, 4]. Bu esa klinik qarorlarni tezroq qabul qilish va infeksiyalarni tashxislash aniqligini oshirish imkonini beradi.

Ya'ni, sun'iy intellekt mikrobiologiya sohasida faqat yordamchi vosita emas, balki ilmiy izlanishlarning yangi bosqichiga yo'l ochayotgan strategik texnologiya sifatida namoyon bo'lmoqda.

Materiallar va usullar. Ushbu ish 2020-2025 yillarda mikrobiologiyada sun'iy intellekt usullarini qo'llashga bag'ishlangan nashrlarning tahliliy sharhini o'z ichiga oladi va unda PubMed, Scopus, Web of Science va RIII (Rossiya ilmiy iqtiboslar indeksi) xalqaro ma'lumotlar bazalaridan olingan ma'lumotlar tahlil qilindi. Asosiy e'tibor mashinali o'rganish algoritmlari, chuqur neyron tarmoqlari, shuningdek, an'anaviy bioinformatik yondashuvlarni o'zida mujassam etgan gibrid modellardan foydalanilgan tadqiqotlarga qaratildi.

Maqolalarni tanlashda quyidagi mezonlar inobatga olindi:

1. Mikrobiologik ma'lumotlarni tahlil qilishda sun'iy intellektdan foydalanish (identifikatsiya, AMR, metagenomika, tasvirlar).
2. Natijalarning haqiqiy ma'lumotlar asosida tasdiqlanganligi.
3. 2020 yildan keyingi davrda taqriz qilinadigan nashrlarda chop etilganligi.

Natijalar va muhokama.

1. *Mikroorganizmlarni aniqlash uchun sun'iy intellektdan foydalanish.* MALDI-TOF MS spektrlarini mashinali o'rganish yordamida tahlil qilish eng keng tarqalgan yo'nalish hisoblanadi. Mortier va hammualliflar (2021) [5] ma'lumotlariga ko'ra, tayanch vektorlar (SVM) va tasodifiy o'rmonlar algoritmlari bakteriyalarning yaqin turlarini farqlash aniqligini sezilarli darajada oshiradi. Neyron tarmoqlarining qo'llanilishi esa spektr sifati past bo'lgan hollarda ham tanib olishni ta'minlaydi [6].

MALDI-TOF ishlash prinsipi to'rt asosiy bosqichni o'z ichiga oladi: (I) biologik materialning matritsa bilan birgalikda metall nishonga qo'llanilishi; (II) oqsillarning lazer yordamida desorbsiyalanishi va ionlanishi; (III) mass-spektrometrdagi ionlarning uchish vaqtini o'lchash; (IV) olingan spektrni etalon ma'lumotlar bazasi bilan taqqoslash [17].

Aniqlikning asosiy omili qo'llaniladigan spektrlar kutubxonasining hajmi va sifati hisoblanadi [16].

MALDI-TOF *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Candida albicans* va boshqa bakterial hamda achitqi infeksiyalarining keng doirasini tashxislashda yuqori samaradorlik ko'rsatdi [16, 18].

Usul quyidagilarni ta'minlaydi:

- sof koloniya olingandan so'ng 5-10 daqiqa ichida tahlil;
- ma'lumotlar bazasida spektr mavjud bo'lganda 95-99% gacha aniqlik [17];
- ko'p sonli tekshiruvlarda iqtisodiy samaradorlik.

Klinik amaliyotda MALDI-TOF antibakterial davolashni erta to'g'rilashga yordam beradi, bu ayniqsa sepsis, meningit va og'ir shifoxona infeksiyalarida muhim ahamiyatga ega [18].

Usulning cheklovlari antibiotiklarga sezuvchanlikni bevosita aniqlashning imkonsizligi, aralash ekinlarni identifikatsiya qilishdagi qiyinchiliklar va ma'lumotlar bazasining to'liqligiga bog'liqligidan iborat [16, 17].

MALDI-TOF mass-spektrometriyasi klinik laboratoriyalarda mikroorganizmlarni tezkor aniqlashning "oltin standart"i hisoblanadi [17]. Rivojlanishning istiqbolli yo'nalishlari quyidagilardan iborat: klinik namunalarni dastlabki o'stirmasdan to'g'ridan-to'g'ri o'rganish, spektrlar kutubxonalarini kengaytirish, shuningdek, tahlil aniqligini va tezligini oshirish maqsadida PZR va sun'iy intellekt usullari bilan uyg'unlashtirish [16, 18].

2. Antimikrob rezistentlikni bashorat qilish.

So'nggi yillarda dunyo miqyosida antibiotiklarga chidamli mikroorganizmlar soni ortib borishi global sog'liqni saqlash tizimi uchun

jiddiy tahdid sifatida baholanmoqda. Antimikrob rezistentlik (AMR) – mikroorganizmlarning antibiotiklar ta'siriga nisbatan moslashib olish qobiliyati bo'lib, bu hodisa ko'plab dori vositalarining samaradorligini pasaytiradi va yangi infeksiyalarining davosini qiyinlashtiradi [19, 21].

Zamonaviy mikrobiologiya va bioinformatika sohalarida sun'iy intellekt (SI) va mashinali o'rganish texnologiyalari orqali AMRni bashorat qilishga qaratilgan ilmiy ishlar faol rivojlanmoqda. Bu usullar mikroorganizmlarning genom ma'lumotlarini tahlil qilish orqali ulardagi rezistentlik genlarini aniqlash va ularning faollashish ehtimolini oldindan hisoblash imkonini beradi.

Masalan, mashinali o'rganish algoritmlari mikroorganizmlarning DNK ketma-ketligidan turli mutatsiyalar va rezistentlikka olib keluvchi nukleotid o'zgarishlarni avtomatik aniqlaydi. Bu esa tadqiqotchilarga ma'lum antibiotikka nisbatan chidamlilik darajasini aniqlash va infeksiya tarqalish xavfini bashorat qilish imkonini yaratadi.

Bundan tashqari, sun'iy intellekt modellari turli laboratoriya ma'lumotlari — antibiotik sezgirlik testi, fenotipik tahlillar, klinik ko'rsatkichlar va epidemiologik ma'lumotlarni ham integratsiya qilib, antibiotik terapiya uchun eng samarali strategik tavsiyalarni shakllantirishi mumkin. Ya'ni, antimikrob rezistentlikni bashorat qilishda sun'iy intellekt texnologiyalaridan foydalanish nafaqat klinik amaliyotda to'g'ri antibiotik tanlashni ta'minlaydi, balki antibiotiklarning samarasiz qo'llanilishini cheklaydi, mikrobiologik xavflarni kamaytiradi va kelgusidagi epidemiologik xavflarni oldindan bashorat qilish imkonini ham beradi.

Sun'iy intellekt genom ketma-ketligi ma'lumotlari asosida antimikrob rezistentlikni (AMR) bashorat qilish uchun faol qo'llanilmoqda. Kim va hammualliflarining (2022) [7] ko'rsatishicha, XGBoost modellari β -laktamlarga chidamlilik fenotipini 90% dan yuqori aniqlik bilan bashorat qila oladi. Bunday yondashuvlar uzoq vaqt o'stirish zaruratisiz

terapiya strategiyasini tezda aniqlash imkonini beradi.

3. Metagenom ma'lumotlarni tahlil qilish

Metagenom ma'lumotlarni tahlil qilish zamonaviy mikrobiologiyaning eng ilg'or va tez rivojlanayotgan yo'nalishlaridan biridir. Bu usul mikroorganizmlarni laboratoriya sharoitida alohida ajratib o'stirmasdan, biologik namunada mavjud barcha mikroblarning genetik materialini (DNK yoki RNK) bir vaqtning o'zida tadqiq qilish imkonini beradi.

Metagenom tahlili yordamida muhitdagi mikroorganizmlarning tur tarkibi, soni, funksiyasi va o'zaro aloqalari haqida to'liq tasavvur hosil qilish mumkin. Bu ayniqsa inson mikrobiomini o'rganishda, ayniqsa ichak, teri, og'iz bo'shlig'i va genital yo'llar mikroflorasini tahlil qilishda muhim ahamiyat kasb etadi.

Zamonaviy sun'iy intellekt (SI) va mashinali o'rganish usullari metagenom ma'lumotlarni tahlil qilish jarayonini yanada samarali va tezkor qilmoqda. Bu texnologiyalar milliardlab nukleotid ketma-ketliklaridan iborat katta hajmdagi ma'lumotlarni qayta ishlab, mikroorganizmlarning yangi turlarini aniqlash, ularning funksiyalarini bashorat qilish va metabolik yo'llarini tiklash imkonini bermoqda.

Metagenom tahlilida qo'llaniladigan asosiy bosqichlar — **sekvenirlash (genetik ma'lumotlarni o'qish), ma'lumotlarni tozalash, assemblirovka (fragmentlarni yig'ish), annotatsiya (genlarni funksiyasiga qarab belgilash) va taksonomik klassifikatsiya** hisoblanadi. Bu jarayonlar uchun maxsus bioinformatika platformalari, masalan, *QIIME2*, *MetaPhlAn*, *Kraken2* va *MEGAHIT* kabi dasturlardan foydalaniladi.

Metagenom ma'lumotlarni tahlil qilish nafaqat mikroorganizmlar bioxafsizligi va ekologiyasini tushunishga yordam beradi, balki tibbiyot, farmasevtika va biotexnologiya sohalarida yangi diagnostika, profilaktika va davolash usullarini ishlab chiqishda ham katta ahamiyat kasb etadi [20, 22].

Metagenom tahlili va sun'iy intellekt integratsiyasi mikrobiologiyada yangi imkoniyatlar eshigini ochdi: bu usullar mikroorganizmlar dunyosi haqidagi bilimlarni chuqurlashtirish, ularning o'zaro ta'sirini tushunish va inson sog'ligi bilan bog'liq mikrobiotsenozlarni nazorat qilish imkonini bermoqda.

Chuqur o'rganish usullari mikrob jamoalarini taksonomik tasniflash uchun qo'llaniladi. Roy va hammualliflar (2024) [8] CNN va Transformer arxitekturalari odam mikrobiotasini tahlil qilishda an'anaviy k-mer usullaridan ustun ekanligini ta'kidlashgan. Bu disbiotalarga aniqroq tashxis qo'yish va yangi patogenlarni topish imkoniyatini ochib beradi.

4. Tasvirlarga ishlov berish

Sun'iy intellekt mikroskopik tasvirlarni avtomatik tahlil qilish, morfologik tuzilmalarni aniqlash va koloniyalarni sanash jarayonlariga tatbiq etilmoqda. Zamonaviy CNN (Convolutional Neural Networks) modellari bakteriyalarni morfologiyasi va bo'yalish xususiyatlari bo'yicha yuqori aniqlikda tasniflash qobiliyatiga ega [9]. Bu xodimlarga yuklamani kamaytiradi va inson omili ta'sirini minimallashtirishga yordam beradi.

5. Multiom ma'lumotlarni integratsiyalash

Genomika, transkriptomika, metabolomika va klinik ko'rsatkichlar ma'lumotlarini ML-modellar yordamida birlashtirish yangi chidamlilik biomarkerlarini aniqlash va klinik natijalarni oldindan aytish imkonini beradi [10]. Bunday yondashuv shaxsga yo'naltirilgan tibbiyot va epidemiologik nazoratni rivojlantirishga hissa qo'shadi.

Sun'iy intellektdan foydalanishning afzalliklari va cheklovlari

Afzalliklari:

- Mikroorganizmlarni aniqlash aniqligini oshirish.

- Tashxis qo'yish va qaror qabul qilish vaqtini qisqartirish.

- Katta hajmdagi ma'lumotlarni qayta ishlash imkoniyati.

Cheklovlar:

- DL-modellarining «qora qutilari»ni yetarlicha tushuntirish imkoniyati yo'qligi.

C
A
R
J
I
S

• Cheklangan ma'lumotlar asosida o'qitishda xatoliklar yuzaga kelish xavfi.

• Tekshirish va sertifikatlashtirishda yagona standartlarning mavjud emasligi [11-13].

Ahloqiy va me'yoriy jihatlar

Mikrobiologiyada sun'iy intellektning keng qo'llanilishi genom ma'lumotlarining maxfiyligi, algoritm xatolari uchun javobgarlik va me'yoriy tartibga solish zaruriyati bilan bog'liq. 2024-yilgi Yevropa va Rossiya tavsiyanomalari tibbiy maqsadlarda qo'llaniladigan sun'iy intellekt tizimlarining shaffofligi, tushunarligi va muntazam auditi zarurligini ta'kidlaydi [14, 15].

Xulosa. Sun'iy intellekt zamonaviy mikrobiologiyaning ajralmas qismiga aylanmoqda. U ma'lumotlarni tahlil qilishni avtomatlashtirish imkonini beradi, tashxis aniqligini oshiradi va antimikrob chidamlilikka qarshi kurashga yordam beradi. Bugungi kunda mikrobiologiya fanida sun'iy intellekt texnologiyalari muhim o'rin tuta boshladi. Zamonaviy SI algoritmlari — ayniqsa mashinali o'rganish, neyron tarmoqlar va bioinformatika usullari — mikroorganizmlarni aniqlash, ularning genomini tahlil qilish, antibiotiklarga chidamlilikni bashoratlash hamda mikrobiotsenozlarni modelashtirishda yuqori samara ko'rsatmoqda. SI

dan foydalanish natijasida diagnostika jarayonlari tezlashdi va yanada samarali bo'ldi, laboratoriya xatolari kamaydi va yangi turdagi mikroorganizmlar haqidagi ma'lumotlar bazasi kengaydi. Shu bilan birga, SI asosidagi intellektual tizimlar tadqiqotchilarga katta ma'lumotlar bilan ishlash, patogenlarning evolyusion o'zgarishini kuzatish va biotexnologik jarayonlarni avtomatlashtirish imkonini bermoqda. Shunday qilib, sun'iy intellekt mikrobiologiyaning faqat yordamchi vositasi emas, balki uning innovatsion rivojlanishini belgilab beruvchi asosiy omilga aylandi. Kelgusida SI texnologiyalari yordamida mikrobiologik tahlillar, diagnostika va farmakologik izlanishlar yanada aniq, tez va samarali bo'lishi kutilmoqda.

Biroq, sun'iy intellektni joriy etish yagona standartlarni ishlab chiqish, algoritmlar ishonchliligini tekshirish va ahloqiy nazorat bilan birga olib borilishi lozim.

Mikrobiologiyaning kelajagi - infeksiyalarni tashxislash va davolash samaradorligini oshirishga qaratilgan sun'iy intellekt va an'anaviy usullarni uyg'unlashtirishdan iboratdir.

Adabiyotlar ro'yxati

1. Mortier T. et al. Bacterial identification using MALDI-TOF and ML // *Frontiers in Microbiology*. – 2021.
2. Khalaf W.S. et al. Artificial intelligence in clinical microbiology: recent advances // *Microorganisms*. – 2025.
3. Park H. et al. Machine learning for microbial classification // *Applied Microbiology and Biotechnology*. – 2023.
4. de la Lastra J.M.P. et al. Data-driven approaches in AMR prediction // *Biosensors*. – 2024.
5. Kim J.I. et al. Machine learning for antimicrobial resistance prediction // *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. – 2022.
6. Valavarasu S. et al. Deep learning models for pathogen detection // *Nature Scientific Reports*. – 2025.
7. Roy G. et al. Deep learning in metagenomic analysis // *Computational Biology Journal*. – 2024.
8. Kutuzova S. et al. Improving taxonomic classification of metagenomic contigs // *Nature Communications*. – 2024.
9. Jain A. et al. Explainable ML pipeline for AMR prediction // *Bioinformatics Advances*. – 2025.
10. Kostrzewa M., Maier T., Schubert S., Sauer S. Clinical use of MALDI-TOF mass spectrometry in microbiology. *Journal of Clinical Microbiology*. 2025;63(4):e01234-24.

11. 10.Khujaeva Sh.A. Advances In The Human Skin Microbiota And Its Roles In Cutaneous Diseases // **Eurasian Journal Of Medical And Natural Sciences**. – 2024. –Vol.4. –№3. –P. 240-256.