




https://doi.org/10.51885/3134-8025_IICS_2026_1_3

МРНТИ 28.23.15

СТРАТЕГИЧЕСКИЕ НАПРАВЛЕНИЯ ПРИМЕНЕНИЯ ИСКУССТВЕННОГО ИНТЕЛЛЕКТА В МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОМ МОНИТОРИНГЕ ВОДНЫХ ОБЪЕКТОВ: ОБЪЯСНИМЫЕ МОДЕЛИ И МУЛЬТИОМНАЯ ИНТЕГРАЦИЯ

СУ ОБЪЕКТІЛЕРІНІҢ МИКРОБИОЛОГИЯЛЫҚ МОНИТОРИНГІНДЕ ЖАСАНДЫ ИНТЕЛЛЕКТТІ ҚОЛДАНУДЫҢ СТРАТЕГИЯЛЫҚ БАҒЫТТАРЫ: ТҮСІНДІРІЛЕТІН МОДЕЛЬДЕР ЖӘНЕ МУЛЬТИОМДЫҚ ИНТЕГРАЦИЯ

STRATEGIC DIRECTIONS FOR THE APPLICATION OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE IN MICROBIOLOGICAL MONITORING OF WATER BODIES: EXPLANABLE MODELS AND MULTI-MODE INTEGRATION

Д.А. Берилло ¹, К.Е. Икласова ^{1*}, В.В. Семенюк ¹, Р.М. Ташибаев ¹

¹Северо-Казахстанский университет имени М. Козыбаева, г. Петропавловск, Казахстан

*Автор-корреспондент: Икласова Кайнижамал Есимсеитовна, e-mail: keiklasova@ku.edu.kz

Ключевые слова:

машинное обучение,
идентификация
бактерий, мониторинг
водных объектов,
мультиомные данные,
объяснимый ИИ,
сверточные нейронные
сети.

АННОТАЦИЯ

В статье проведён критический анализ современных подходов к применению искусственного интеллекта в микробиологическом мониторинге водных объектов. Показано, что высокая точность моделей глубокого обучения, обученных на общепринятых наборах данных (например, DIBaS), часто является следствием методологически некорректного разделения данных и приводит к переоценке реальных возможностей моделей. При использовании более строгих стратегий валидации, имитирующих реальные условия работы (strain-wise splitting), точность классификации значительно снижается, что свидетельствует о наличии кризиса обобщения. Обоснована необходимость перехода от традиционных сверточных нейронных сетей к объяснимым архитектурам и мультимодальным моделям, интегрирующим изображения с геномными данными (k-меры). Такой подход позволяет повысить интерпретируемость, устранить фенотипическую неоднозначность и улучшить способность моделей корректно классифицировать новые бактериальные штаммы. Предложены два стратегических направления: внедрение самообъяснимого ИИ для верификации морфологических признаков и разработка мультимодальных систем для прогнозирования функциональных характеристик микроорганизмов. Полученные результаты формируют основу для создания надёжных инструментов экомониторинга нового поколения.



© 2026 Д.А. Берилло, К.Е. Икласова, В.В. Семенюк, Р.М. Ташибаев

Данная работа распространяется на условиях лицензии

Creative Commons «С указанием авторства» 4.0 Международная (CC BY 4.0).

<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

Түйінді сөздер:

машиналық оқыту,
бактерияларды анықтау,
су объектілерін бақылау,
мультиомдық
мәліметтер, түсіндірілетін
ЖИ, конволюциялық
нейрондық желілер.

ТҮЙІНДЕМЕ

Мақалада су объектілерінің микробиологиялық мониторингінде жасанды интеллектіні қолданудың заманауи тәсілдеріне сыни талдау жасалды. Кеңінен қолданылатын деректер жиынтықтарында (мысалы, DIBaS) жоғары дәлдік көрсеткіштерінің алынуы көбінесе деректерді бөлудің әдістемелік тұрғыдан дұрыс өткізілмеуімен байланысты екені көрсетілді. Шынайы жағдайларды модельдейтін қатаң валидация стратегияларын (strain-wise splitting) қолданғанда классификация дәлдігінің айтарлықтай төмендеуі модельдердің жалпылау қабілетінің шектеулі екенін көрсетеді. Жұмыста түсіндірілетін ИИ архитектураларын және микроскопиялық кескіндерді геномдық деректермен (k-мелер) біріктіретін мультимодальды модельдерді қолданудың өзектілігі негізделген. Мұндай тәсіл фенотиптік екіұштылықты жоюға, модель шешімдерінің түсініктілігін арттыруға және жаңа штаммдарды дәл анықтауға мүмкіндік береді. Авторлар диагностикалық белгілерді тексеруге арналған өзін-өзі түсіндіретін ИИ енгізуді және микроорганизмдердің функционалдық сипаттамаларын болжауға бағытталған мультимодальды жүйелерді әзірлеуді стратегиялық бағыттар ретінде ұсынады. Зерттеу нәтижелері жаңа буындағы сенімді экологиялық мониторинг құралдарын әзірлеуге негіз бола алады.

Keywords:

machine learning, bacteria
identification, water body
monitoring, multi-omic
data, explainable AI,
convolutional neural
networks.

ABSTRACT

This article provides a critical analysis of current artificial intelligence approaches used in the microbiological monitoring of water bodies. It demonstrates that the high accuracy reported in many deep learning studies – particularly those based on datasets such as DIBaS—is frequently the result of methodologically improper data splitting, which leads to overestimating model performance. When more rigorous validation strategies that simulate real-world conditions (e.g., strain-wise splitting) are applied, accuracy drops significantly, revealing a generalization crisis. The study substantiates the need to transition from traditional convolutional neural networks toward explainable and multimodal AI architectures that integrate microscopic images with genomic data (k-mers). This integration improves interpretability, resolves phenotypic ambiguity, and enhances the ability of models to classify previously unseen bacterial strains. Two strategic directions are proposed: the development of Self-Explainable AI for verifying diagnostic features and the creation of multimodal systems capable of predicting functional microbial characteristics. These findings lay the groundwork for next-generation ecological monitoring tools.

ВВЕДЕНИЕ

Область применения ИИ в экологической микробиологии в значительной степени опирается на использование сверточных нейронных сетей (CNN) для решения задач, связанных с анализом изображений. Сравнительный анализ, проведенный в одном из исследований, оценил различные архитектуры, включая AlexNet, VGGNet (Visual Geometry Group Net), Inception (GoogLeNet), ResNet (Residual Network) и DenseNet (Densely Connected Convolutional Network), на наборе данных DIBaS (Digital Image of Bacterial Species), и установил, что DenseNet-121 достигает наивысшей точности — 99,08 % (Wu, et al, 2023). Это демонстрирует огромный потенциал глубокого обучения для автоматического извлечения признаков из изображений микроорганизмов.

Применение CNN выходит за рамки простой классификации. Эти сети используются для автоматической интерпретации микроскопических препаратов из водных проб, анализа роста колоний на агаровых пластинах (Smith, et al, 2020), а также для классификации видов бактерий по микроскопическим изображениям их колоний (Wu, et al, 2023). Такая широкая применимость CNN обусловлена их врождённой способностью изучать иерархические пространственные признаки непосредственно из пиксельных данных, что идеально подходит для идентификации тонких морфологических различий между видами и колониями бактерий. Эта возможность позволяет автоматизировать задачи, которые традиционно требуют участия высококвалифицированных гидробиологов и микробиологов (Smith, et al, 2020).

Анализ литературы выявляет существенное противоречие в публикуемых показателях производительности моделей. В то время как одно исследование сообщает о точности более 99 % на наборе данных DIBaS с использованием предварительно обученной модели DenseNet-121 (Wu, et al, 2023), другое исследование (Yachnaya, et al, 2024) убедительно доказывает, что такие высокие показатели (более 90%) являются артефактом случайного разделения набора данных.

Когда применяется более релевантная для практического применения методология разделения по штаммам (strain-wise splitting), при которой все изображения одного и того же штамма бактерий попадают либо в обучающую, либо в тестовую выборку, но не в обе сразу, точность специально разработанной модели ResNet-MH резко падает до 41.6% на уровне видов (Yachnaya, et al, 2024). Это расхождение объясняется высокой визуальной вариабельностью между различными штаммами одного и того же вида. Модель, обученная на штамме E. coli вида А, может не распознать штамм E. coli Б того же вида, если он выглядит иначе. Случайное разделение приводит к «утечке данных», позволяя модели видеть изображения одних и тех же штаммов как в обучающей, так и в тестовой выборках, что ведёт к запоминанию, а не к истинному обобщению (Yachnaya, et al, 2024), как наглядно показано на рисунке 1.

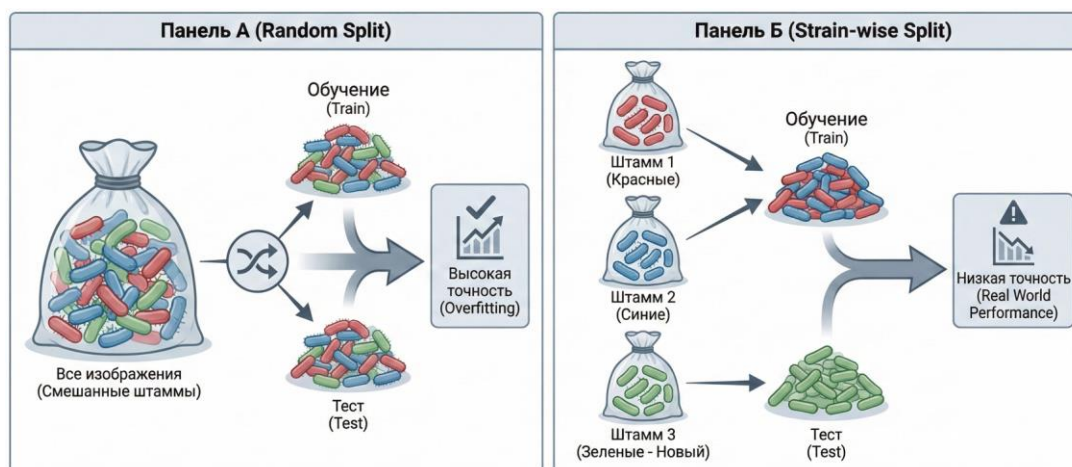


Рисунок 1. Влияние стратегии разделения данных на оценку точности моделей.

Панель А: случайное разделение (Random Split).

Панель Б: разделение по штаммам (Strain-wise Split)

Это наблюдение позволяет сделать вывод о том, что в данной области, возможно, назревает «кризис воспроизводимости и обобщения», при котором сообщаемые передовые результаты искусственно завышены и не отражают реальной производительности в полевых условиях. Высокие показатели точности, полученные в исследованиях, подобных

(Wu, et al, 2023), которые используют наборы данных, такие как DIBaS, не имеющие аннотаций на уровне штаммов (Wu, et al, 2023), скорее всего, вводят в заблуждение.

В области наблюдается значительная технологическая эволюция - переход от дискриминативных моделей (классифицирующих, что изображено) к генеративным моделям (создающим новое изображение). Ярким примером является использование условной генеративно-сопоставительной сети (cGAN) для выполнения «виртуального окрашивания по Граму» (Işıl, et al, 2025).

Эта модель принимает на вход Z-стек безметочных темнопольных микроскопических изображений и генерирует синтетическое светлопольное изображение, которое было вычислительно «окрашено по Граму». В основе этого подхода лежит обучение модели на тысячах парных изображений: неокрашенных (темнопольных) и химически окрашенных (светлопольных), благодаря чему сеть учится сопоставлять морфологические признаки клетки с её будущим цветом после окрашивания. Результат демонстрирует высокую степень соответствия с химически окрашенными образцами, достигая пикового отношения сигнал/шум (PSNR) 38.35 дБ и индекса структурного сходства (SSIM) 0.9685 (Işıl, et al, 2025). Такой подход позволяет обойти весь ручной, трудоемкий и подверженный ошибкам процесс химического окрашивания. Это представляет собой сдвиг парадигмы в сторону автоматизации целых лабораторных процессов, а не только отдельных аналитических шагов. Использование темнопольной микроскопии также является ключевым нововведением, поскольку оно позволяет избежать фотообесцвечивания и предоставляет богатую информацию о трёхмерном рассеянии света, которую модель использует для дифференциации (Işıl, et al, 2025).

Целью данного исследования являются критический анализ текущего состояния применения ИИ в микробиологическом мониторинге и разработка стратегических предложений по преодолению выявленных ограничений. Научная новизна работы заключается в обосновании смены парадигмы от погони за метриками точности на нерепрезентативных данных к созданию мультимодальных диагностических систем. Практическая значимость состоит в формулировании требований к новому поколению инструментов экомониторинга, способных прогнозировать функциональную роль микроорганизмов, а не только их таксономию.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Для написания данной статьи был применён протокол систематического обзора (Systematic Literature Review). Поиск литературы осуществлялся по ключевым словам в базах данных Scopus, Web of Science и Google Scholar. На первом этапе была сформирована широкая выборка из 203 публикаций. На втором этапе проводилась фильтрация по заголовкам и аннотациям. На третьем этапе — полнотекстовый анализ на соответствие критериям включения. В итоговый синтез вошли 16 работ, полностью удовлетворяющих критерии качества и релевантности, представленные в таблице 1.

Таблица 1. Критерии отбора актуальной научной литературы

Параметр протокола	Критерии отбора статей
Источники данных	Поиск осуществлялся в реферативных базах данных Scopus, Web of Science Core Collection и Google Scholar.
Временной охват	Период с 2018 по 2025 год, что обусловлено высокой скоростью устаревания алгоритмов глубокого обучения (SOTA).
Поисковый запрос	Использовались комбинации ключевых слов: ("deep learning" OR "CNN" OR "machine learning") AND ("bacteria identification" OR "microbial monitoring") AND ("water quality" OR "aquatic ecosystem").

Окончание таблицы 1

Критерии включения	1. Оригинальные исследовательские статьи (Research Articles). 2. Наличие количественных метрик оценки (Accuracy, F1-score). 3. Использование наборов данных микроскопических изображений.
Критерии исключения	1. Обзорные статьи без собственного мета-анализа. 2. Работы, использующие классическое машинное обучение без нейросетей. 3. Статьи на языках, отличных от английского и русского.
Примечание – составлено автором	

На основе этого анализа был проведен синтез существующих знаний, что позволило выявить ключевые проблемы в области, такие как кризис обобщения моделей и недостаток их интерпретируемости. Далее, с использованием методов научного прогнозирования и проектирования, были сформулированы два стратегических исследовательских направления, включая разработку детальных исследовательских предложений и технических требований к данным.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Для систематизации и наглядного представления ключевых аспектов проанализированных работ ниже приведена сравнительная таблица 2.

Таблица 2. Анализ ключевых аспектов применения ИИ

Параметр	[Smith, et al, 2020]	[Yachnaya, et al, 2024]	[Wu, et al, 2023]	[Işıl, et al, 2025]
Основная цель	Обзор применения ИИ для анализа изображений в экологической микробиологии.	Разработка классификатора бактерий, способного обобщаться на новые штаммы.	Сравнительный анализ предобученных CNN для классификации бактерий.	Разработка метода виртуального окрашивания по Граму без использования химических реагентов.
Метод/ Архитектура МО	CNN (в частности, Inception v3 с transfer learning).	Модифицированный ResNet-18 с несколькими "головами" (ResNet-MH).	Сравнение CNN: AlexNet, VGGNet, Inception, ResNet, DenseNet.	Условная генеративно-состязательная сеть (сGAN) на основе U-Net.
Тип входных данных	Изображения мазков, окрашенных по Граму; изображения роста колоний на агаре.	Микроскопические изображения колоний живых бактерий (без окрашивания).	Микроскопические изображения бактерий, окрашенных по Граму.	Z-стек темнопольных микроскопических изображений безметочных бактерий.
Набор(ы) данных	Собственные данные (пробы из водных объектов).	Собственный набор данных (4618 изображений, 23 вида, 11 родов).	DIBaS (около 660 изображений, 33 вида).	Собственный набор данных (<i>E. coli</i> и <i>L. innocua</i>).
Ключевой показатель производительности	Точность классификации ~95% для отдельных фрагментов, 92.5% для целого мазка.	Точность 41.6% (по видам) при разделении по штаммам; >90% при случайном разделении.	Точность 99.08% (DenseNet-121).	PSNR 38.35 дБ, SSIM 0.9685, F1-score 96%.

Окончание таблицы 2

Параметр	[Smith, et al, 2020]	[Yachnaya, et al, 2024]	[Wu, et al, 2023]	[Işıl, et al, 2025]
Основной вклад/вывод	ИИ может автоматизировать интерпретацию микробиологических изображений, повышая производительность.	Разделение данных по штаммам является критически важным для реалистичной оценки обобщающей способности.	Transfer learning с использованием DenseNet-121 очень эффективен для классификации бактерий на датасете DIBaS.	Глубокое обучение позволяет создавать виртуальные окрашенные препараты, обходя химический процесс.
Выявленное ограничение/проблема	Необходимость в больших наборах данных для обучения; производительность зависит от качества исходных изображений.	Высокая внутривидовая визуальная вариабельность штаммов является основной проблемой для обобщения.	Результаты могут быть нерепрезентативны для новых штаммов из-за отсутствия их разметки в DIBaS.	Качество виртуального окрашивания зависит от качества и точности регистрации обучающих пар изображений.
<i>Примечание – составлено автором</i>				

Генеративные модели для виртуального окрашивания обладают встроенной степенью интерпретируемости, которой не хватает классификационным моделям, что делает их более жизнеспособными для практического внедрения. Классификационная модель выдаёт метку, например, «E. coli (вероятность 98%)» [Wu, et al, 2023]. Это абстрактное заключение, которое специалист-эколог должен либо принять, либо отвергнуть, основываясь на доверии к «чёрному ящику». В то же время модель виртуального окрашивания выдаёт изображение, визуально напоминающее стандартный препарат, окрашенный по Граму (Işıl, et al, 2025). Микробиолог может использовать свой собственный опыт для интерпретации этого сгенерированного ИИ изображения, так же, как и реального. Он может видеть морфологию (кокки, палочки), расположение (гроздь, цепочки) и реакцию на окраску (фиолетовый, розовый). Таким образом, генеративный подход изменяет взаимодействие человека и ИИ с делегирования («ИИ, скажи мне ответ») на сотрудничество («ИИ, подготовь мне образец для анализа»). Это снижает барьер для доверия и более органично интегрируется в устоявшиеся лабораторные рабочие процессы в сфере экологии, потенциально ускоряя внедрение быстрее, чем чисто классификационная система.

Однако даже генеративные подходы не решают фундаментальную проблему доверия к классификаторам. Проблема «чёрного ящика» (Black Box) остаётся критическим барьером: эколог не может полагаться на метку класса без понимания причин решения (Sartori, et al, 2025). В связи с этим первым стратегическим направлением предлагается внедрение методов объяснимого ИИ (XAI).

Первым вариантом решения предлагается использование пост-хок объяснимости. Методы XAI, применяемые постфактум (post-hoc), могут быть использованы для генерации объяснений для уже обученных моделей [Sartori, et al, 2025]. Техники, такие как Gradient-weighted Class Activation Mapping (Grad-CAM), создают тепловые карты, которые подсвечивают области изображения, наиболее повлиявшие на решение CNN. Другие методы, такие как LIME и SHAP, предоставляют оценки важности признаков. Применение Grad-CAM к модели ResNet-MH из (Yachnaya, et al, 2024) позволило бы визуализировать,

действительно ли «головы» для микро- и макроструктур фокусируются на разных признаках (отдельные клетки против колоний), тем самым проверяя архитектурную гипотезу статьи.

Вторым предлагаемым направлением исследования может быть использование изначально интерпретируемых моделей. Более продвинутый подход заключается в разработке моделей, которые интерпретируемы по своей природе (Self-explainable AI, S-XAI) (Di Vincenzo). Это включает в себя встраивание таких механизмов, как внимание, обучение на основе концепций или прототипов, непосредственно в архитектуру модели (Sartori, et al, 2025). Модель на основе механизма внимания могла бы не только классифицировать бактерию, но и выводить карты внимания, которые явно выделяют ключевые морфологические признаки (например, клеточная стенка, гроздь, цепочки), обеспечивая встроенное визуальное объяснение. Это переход от пост-хок рационализации к модели, которая «показывает свою работу».

XAI © - это не просто инструмент для построения доверия; это важный научный инструмент для отладки моделей, проверки гипотез и открытия новых биомаркеров. Авторы (Yachnaya, et al, 2024) предполагают, что их модель ResNet-MH изучает как микро-, так и макропризнаки. Это научное утверждение о внутреннем механизме модели. Применение Grad-CAM (инструмента XAI) позволяет проверить эту гипотезу. Если тепловые карты подтвердят их утверждение, это подтвердит их дизайн. Если же карты покажут, что обе «головы» фокусируются на одних и тех же признаках, это опровергнет их утверждение и покажет, что улучшение производительности может быть связано с другими факторами (например, простым ансамблированием). Более того, если метод XAI последовательно выделяет ранее недооценённый морфологический признак у определённого вида бактерий как высокопредиктивный, это может направить биологов к новому, визуально идентифицируемому биомаркеру. Таким образом, XAI превращает процесс разработки моделей из чистой инженерии (оптимизация метрики точности) в научное исследование (понимание и проверка процесса рассуждений модели). Это углубляет понимание как модели, так и лежащей в её основе биологии, что является гораздо более мощным результатом, чем просто достижение высокого балла. Морфология бактерий в процессе роста практически не меняется на клеточном уровне, поскольку они размножаются путём бинарного деления, образуя генетически идентичные дочерние клетки. Однако под воздействием стрессовых условий окружающей среды (например, изменение температуры, pH или наличие токсичных веществ) могут наблюдаться морфологические изменения, такие как изменение формы или образование нетипичных форм, что является механизмом адаптации, что может происходить с малой долей вероятности при посеве анализируемых культур на общие питательные среды для получения более полной картины по штаммам бактерий в образце воды. Такого ограничения не будет в случае использования специальных дифференцированных питательных сред.

Методы, описанные в (Smith, et al, 2020; Yachnaya, et al, 2024; Wu, et al, 2023; Işıl, et al, 2025), фундаментально ограничены тем, что можно увидеть под микроскопом. Они фиксируют морфологию (фенотип), но остаются слепы к лежащим в основе геномике, транскриптомике и протеомике (генотип и функция), которые определяют экологически значимые характеристики, такие как способность к биоремедиации или патогенность для гидробионтов.

Предлагаемым решением является мультимодальные архитектуры слияния данных. Машинное обучение все чаще используется для интеграции гетерогенных мультимодальных наборов данных (геномика, протеомика и т.д.) для получения системного понимания экосистем (Purwono, et al, 2023; Hou, et al, 2024; Zhang, et al, 2024; Selvaraju, et al, 2017). Разрабатываются методологии для слияния различных типов данных, таких как

изображения и геномика, для таких приложений, как прогнозирование экологических рисков (Selvaraju, et al, 2017; Sakagianni, et al, 2023; Muller, et al, 2024; Raghuvanshi, et al, 2025; Huang, et al, 2024). Существуют три основные стратегии интеграции данных: ранняя, средняя и поздняя (Altaf, et al, 2025). Средняя интеграция, которая объединяет признаки в общем латентном пространстве, часто предпочтительнее для обработки сложных, высокоразмерных данных.

Предлагается разработка моделей, которые объединяют данные микроскопии с геномными данными для идентификации бактерий. Например, можно использовать архитектуру с двумя кодировщиками: CNN (например, DenseNet из (Wu, et al, 2023) обрабатывает изображение, в то время как 1D-CNN или Transformer обрабатывает геномные данные (например, векторы частот k-меров, полученные из полногеномных последовательностей). Векторы признаков из обоих кодировщиков затем конкатенируются или объединяются с помощью механизма внимания (средняя интеграция), после чего подаются на вход конечному классификатору, как показано на рисунке 2.

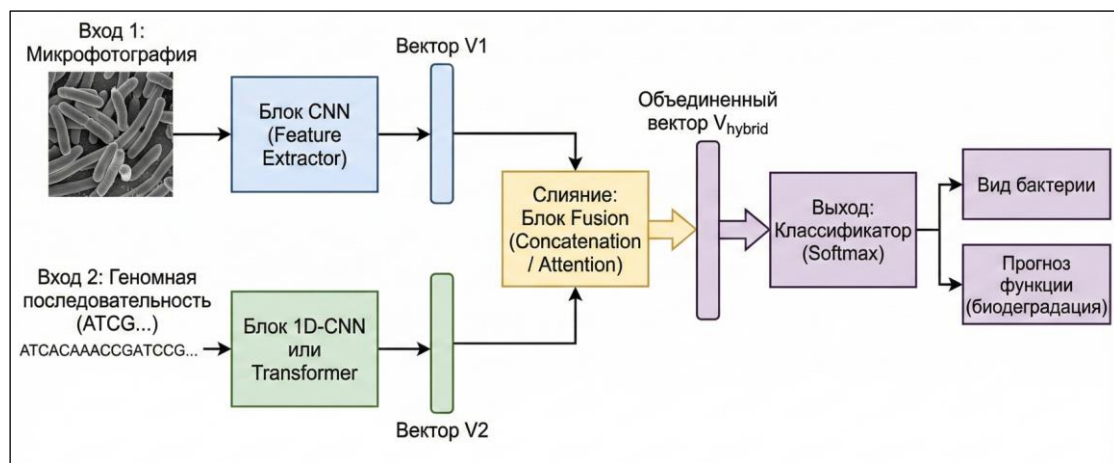


Рисунок 2. Концептуальная схема предлагаемой мультимодальной нейронной сети

Предлагаемые архитектуры для интерпретируемой и мультимодальной идентификации бактерий представлены в таблице 3.

Таблица 3. Предлагаемые архитектуры для интерпретируемой и мультимодальной идентификации бактерий

Название предложения	Основная цель	Входные модальности данных	Предлагаемая архитектура	Метод интерпретируемости	Целевое применение в экомониторинге
Предложение I: Самообъяснимый Vision Transformer	Достижение точной, с учётом штаммов, идентификации и с внутренне присущими объяснениями	Микроскопические изображения	Vision Transformer (ViT) с модулем обучения на основе концепций.	Встроенный (механизм внимания, вывод на основе концепций).	Быстрая и надёжная идентификация микроорганизмов-биоиндикаторов с аудируемым обоснованием

Окончание таблицы 3

Название предложения	Основная цель	Входные модальности данных	Предлагаемая архитектура	Метод интерпретируемости	Целевое применение в экомониторинге
Предложение II: Мультимодальная сеть для прогнозирования функциональной активности	Прогнозирование способности к биodeградации и путём интеграции морфологии и геномики.	Микроскопические изображения, полногеномные последовательности.	Двухкодированная сеть (CNN + 1D-CNN/Transformer) с механизмом перекрёстного внимания.	Пост-хок (SHAP для оценки вклада признаков).	Ускоренная оценка потенциала самоочищения водных объектов, мониторинг опасных цветений.
<i>Примечание – составлено автором</i>					

Мультимодальное слияние данных напрямую решает «кризис обобщения», выявленный ранее, предоставляя надёжный якорь для разрешения фенотипической неоднозначности. Основная проблема, выявленная в (Yachnaya, et al, 2024), заключается в том, что разные штаммы одного и того же вида могут быть визуально неотличимы от штаммов других видов (высокая внутривидовая и низкая межвидовая визуальная дисперсия). Это делает классификацию, основанную только на морфологии, принципиально ненадёжной. Однако геномные данные предоставляют однозначную истину для идентификации видов. Хотя два штамма *E. coli* могут выглядеть по-разному, их геномы будут очень похожи и чётко отличаться от, скажем, *L. innocua*. Обучая мультимодальную модель, поток геномных данных обеспечивает сильный, стабильный сигнал для правильной метки вида. Модель затем может научиться коррелировать переменные визуальные признаки (из потока изображений) с этим стабильным геномным якорем. В результате модель больше не вынуждена полагаться исключительно на неоднозначные визуальные подсказки. Она может научиться, что «эта специфическая визуальная морфология в сочетании с этой геномной сигнатурой соответствует *E. coli* штамма Б». Это значительно улучшило бы точность классификации при сложном разделении по штаммам, эффективно решая проблему обобщения, предоставляя модели необходимый контекст, которого не хватает одним лишь изображениям.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В ходе данного исследования были успешно решены поставленные во введении задачи по анализу текущего состояния и определению перспектив применения ИИ в микробиологическом мониторинге водных объектов. Основные результаты обобщаются в выявлении двух ключевых проблем, сдерживающих развитие области: «кризиса обобщения» моделей из-за внутривидовой вариативности штаммов и недостаточной методологической строгости при оценке, а также проблем «чёрного ящика», снижающих доверие к ИИ-системам в практической экологии.

Перспективы дальнейших исследований напрямую вытекают из предложенных в работе концепций. В первую очередь необходимо сосредоточиться на практической реализации предложенных архитектур: самообъяснимого Vision Transformer и мультимодальной сети для прогнозирования функциональной активности. Дальнейшее развитие может включать интеграцию дополнительных слоёв данных, таких как протеомные и метаболомные профили, а также гидрохимические параметры водной среды, для построения еще более комплексных и точных моделей водных экосистем.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

ФИНАНСИРОВАНИЕ: Данное исследование было профинансировано в рамках выполнения проекта ПЦФ BR28712227 «Разработка и внедрение высокотехнологичных решений мониторинга, очистки и рационального использования водных ресурсов Северо-Казахстанской области для обеспечения здоровья населения» 2025-2027 Министерство науки и высшего образования Республики Казахстан.

БЛАГОДАРНОСТИ: Авторы выражают благодарность анонимным рецензентам за ценные замечания, способствовавшие улучшению качества статьи.

УВЕДОМЛЕНИЕ ОБ ИСПОЛЬЗОВАНИИ ТЕХНОЛОГИЙ ИСКУССТВЕННОГО ИНТЕЛЛЕКТА: Авторы использовали переводчик DeepL (использующий ИИ) для перевода аннотации на английский язык.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Altaf, A., Mehmood, A., Filograno, M. L., Alharbi, S., & Iqbal, J. (2025). Deployable deep learning models for crack detection: Efficiency, interpretability, and severity estimation. *Buildings*, 15(18), 3362. <https://doi.org/10.3390/buildings15183362>
- Di Vincenzo, S. (n.d.). Multimodal artificial intelligence in biomedical research: Integrating electronic health records and imaging data [Master's thesis, Utrecht University]. Utrecht University Repository. <https://studenttheses.uu.nl/bitstream/handle/20.500.12932/46086/-WritingAssignmentDiVincenzo.pdf>
- Işıl, Ç., Koydemir, H. C., Eryilmaz, M., de Haan, K., Pillar, N., Montesoglu, K., Unal, A. F., Rivenson, Y., Chandrasekaran, S., Garner, O. B., & Ozcan, A. (2025). Virtual Gram staining of label-free bacteria using dark-field microscopy and deep learning. *Science Advances*, 11(2), eads2757. <https://doi.org/10.1126/sciadv.ads2757>
- Hou, J., Liu, S., Bie, Y., Wang, H., Tan, A., Luo, L., & Chen, H. (2024). Self-explainable AI for medical image analysis: A survey and new outlooks. *arXiv*. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2410.02331>
- Huang, Z., Sekhon, V. K., Sadeghian, R., Vaida, M. L., Jo, C., McCormick, B. A., Ward, D. V., Buccì, V., & Haran, J. P. (2024). ADAM: An AI reasoning and bioinformatics model for Alzheimer's disease detection and microbiome clinical data integration. *IEEE Access*, 12, 1–15. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2024>
- Muller, E., Shiryani, I., & Borenstein, E. (2024). Multi-omic integration of microbiome data for identifying disease-associated modules. *Nature Communications*, 15(1), 2621. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-46888-3>
- Purwono, P., Wulandari, A. N. E., & Nisa, K. (2023). Explainable artificial intelligence (XAI) in medical imaging: Techniques, applications, challenges, and future directions. *Applied Medical and Medical Sciences*, 1(1), 52–66. <https://doi.org/10.53623/amms.v1i1.692>
- Raghuvanshi, S. (2025, September 18). Machine explainability: A guide to LIME, SHAP, and GradCAM. *Medium*. <https://suryansh-raghuvanshi.medium.com/machine-explainability-a-guide-to-lime-shap-and-gradcam-60f6265f365f>
- Sadeghi, Z., Alizadehsani, R., CIFCI, M. A., Kausar, S., Rehman, R., Mahanta, P., Bora, P. K., Almasri, A., Alkhalwaldeh, R. S., Hussain, S., Alatas, B., Shoeibi, A., Moosaei, H., Hladík, M., Nahavandi, S., & Pardalos, P. M. (2024). A review of explainable artificial intelligence in healthcare. *Computers and Electrical Engineering*, 118, 109370. <https://doi.org/10.1016/j.compeleceng.2024.109370>
- Sakagianni, A., Koufopoulou, C., Feretzakis, G., Kalles, D., Verykios, V. S., Myriantsefs, P., & Fildisis, G. (2023). Using machine learning to predict antimicrobial resistance—A literature review. *Antibiotics*, 12(3), 452. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12030452>
- Sartori, F., Codicè, F., Caranzano, I., Rollo, C., Birolo, G., Fariselli, P., & Pancotti, C. (2025). A comprehensive review of deep learning applications with multi-omics data in cancer research. *Genes*, 16(6), 648. <https://doi.org/10.3390/genes16060648>

- Selvaraju, R. R., Cogswell, M., Das, A., Vedantam, R., Parikh, D., & Batra, D. (2017). Grad-CAM: Visual explanations from deep networks via gradient-based localization. In Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV) (pp. 618–626). IEEE. <https://doi.org/10.1109/ICCV.2017.74>
- Smith, K. P., & Kirby, J. E. (2020). Image analysis and artificial intelligence in infectious disease diagnostics. *Clinical Microbiology and Infection*, 26(10), 1318–1323. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2020.03.012>
- Wu, Y., & Gadsden, S. A. (2023). Machine learning algorithms in microbial classification: A comparative analysis. *Frontiers in Artificial Intelligence*, 6, 1200994. <https://doi.org/10.3389/frai.2023.1200994>
- Yachnaya V. O., Mikhalkova M. A., Malashin R. O. et al, (2024). Improving generalization in classification of novel bacterial strains: A multi-headed ResNet approach for microscopic image classification. *Computer Optics*, 48(5), 772–781. <https://doi.org/10.18287/2412-6179-CO-1464>
- Zhang, Y., Thomas, J. P., Korcsmaros, T., & Gul, L. (2024). Integrating multi-omics to unravel host-microbiome interactions in inflammatory bowel disease. *Cell Reports Medicine*, 5(9), 101738. <https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2024.101738>

Авторлар туралы мәліметтер
Информация об авторах
Information about authors



Берилло Дмитрий Александрович – PhD, профессор, М. Қозыбаев атындағы Солтүстік Қазақстан университеті агрокомпетенциялар орталығындағы су ресурстары жөніндегі ғылыми үйлестіруші, Петропавл қ., Қазақстан

Берилло Дмитрий Александрович – PhD, профессор, научный координатор по водным ресурсам в Центре агрокомпетенций Северо-Казakhstanский университет имени М. Козыбаева, г. Петропавловск, Казахстан

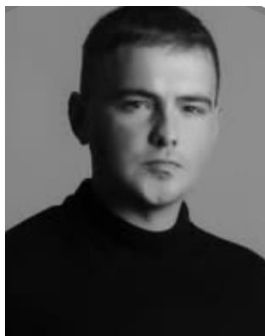
Berillo Dmitry Alexandrovich – PhD, professor Scientific Coordinator for water resources at center of Agro competence Manash Kozybayev North Kazakhstan University, Petropavlovsk, Kazakhstan,
e-mail: daberillo@ku.edu.kz,
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2534-9367>



Икласова Кайнижамал Есимсеитовна – PhD, «Ақпараттық-коммуникациялық технологиялар» кафедраның доценті, М. Козыбаев атындағы Солтүстік-Қазақстан университеті, Петропавл қ., Қазақстан

Икласова Кайнижамал Есимсеитовна – PhD, доцент кафедры «Информационно-коммуникационные технологии», Северо-Казakhstanский университет имени М. Козыбаева, г. Петропавловск, Казахстан

Kainizhamal Iklassova – PhD, associate professor, Department of Information and Communication Technologies, Manash Kozybayev North Kazakhstan University, Petropavlovsk, Kazakhstan,
e-mail: keiklasova@ku.edu.kz,
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8330-4282>



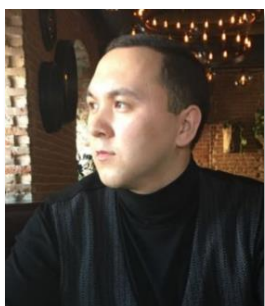
Семенюк Владислав Владимирович – магистр, М. Қозыбаев атындағы Солтүстік Қазақстан университеті халықаралық кампус аға оқытушысы, Петропавл, Қазақстан

Семенюк Владислав Владимирович – магистр, старший преподаватель международного кампуса, Северо-Казакстанский университет имени М. Козыбаева, г. Петропавловск, Казакстан

Semenyuk Vladislav – Master's degree, Senior Lecturer at the International Campus, Manash Kozybayev North Kazakhstan University, Petropavlovsk, Kazakhstan,

e-mail: vvsemenyuk@ku.edu.kz

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8580-7326>



Ташибаев Рустем Маратович – докторант, М. Козыбаев атындағы Солтүстік-Қазақстан университеті, Петропавл қ., Қазақстан

Ташибаев Рустем Маратович – докторант, Северо-Казакстанский университет имени М. Козыбаева, г. Петропавловск, Казакстан

Tashibaev Rustem Maratovich – PhD student, Manash Kozybayev North Kazakhstan University, Petropavlovsk, Kazakhstan,

e-mail: rasll17@mail.ru

ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-2436-9584>