



Прогнозирование биоразнообразия и биометрических показателей сельди (*Clupea pallasii*) Охотского моря с применением нейронных сетей

Научная статья
УДК 004.8:[574.1+597.541]

DOI: 10.37663/0131-6184-2024-3-32-39

Горбачев Виктор Валерьевич – исследователь научно-исследовательской лаборатории «Биотехнологии пищевых систем» кафедры пищевых технологий и биоинженерии, Российский экономический университет им. Г.В. Плеханова; Магаданский филиал ФГБНУ «ВНИРО» («МагаданНИРО»), Москва, Россия
E-mail: genetic2@yandex.ru

Смирнов Андрей Анатольевич – доктор биологических наук, доцент, главный научный сотрудник отдела морских рыб Дальнего Востока, Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии (ФГБНУ «ВНИРО»); профессор кафедры точных и естественных наук, Северо-Восточный государственный университет (СВГУ); доцент кафедры ихтиологии, Дагестанский государственный университет (ДГУ), Москва, Россия
E-mail: andrsmir@mail.ru

Метелёв Евгений Александрович – кандидат биологических наук, руководитель Магаданского филиала ФГБНУ «ВНИРО» («МагаданНИРО»), Магадан, Россия
E-mail: evgeniy_metelyov@mail.ru

Адреса:

1. Российский экономический университет им. Г.В. Плеханова – Россия, 115054, г. Москва, Стремянный переулок, д.36
2. Магаданский филиал ФГБНУ «ВНИРО» («МагаданНИРО») – Россия, 685000, Магадан, ул. Портовая, д. 36/10

3. Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии (ФГБНУ «ВНИРО») – Россия, 105187, Москва, Окружной проезд, д. 19,

4. Северо-Восточный государственный университет – Россия, 685000, Магадан, ул. Портовая, д. 13

5. Дагестанский государственный университет – Россия, 367025, Махачкала, ул. Гаджиева, д. 43а

Аннотация. В работе приводятся данные по прогнозированию морфометрических измерений для сельди Охотского моря с применением алгоритмов машинного обучения (нейронные сети). Было показано, что как минимум 12 признаков коррелируют друг с другом с высокой и очень высокой степенью корреляции ($r > 0,7-0,9$). Продемонстрирована возможность применения нейронных сетей для прогнозирования недостающих морфометрических (и иных видов) данных для любых биологических объектов, в независимости от их географического места обитания. В качестве примера были приведены значения 6 морфометрических признаков, таких как: длина всей рыбы (ab), вес рыбы, расстояние между P и V (vz), длины нижней и верхних лопастей C , антеанальное расстояние. Прогнозные значения, как было показано, отклонялись от эталонных по ряду измерений от 0,2% до 3%, что меньше естественной дисперсии в выборке, достигающей по некоторым признакам до 14%. Всё представленное позволяет предлагать нейронные сети как современный научный метод, например, для устранения нехватки статистических данных или для «закрытия потребностей» в получении новых морфометрических измерений.

Ключевые слова: тихоокеанская сельдь, алгоритмы машинного обучения, Охотское море, морфометрические параметры биоразнообразия, биоразнообразия, нейронные сети, прогнозирование

Для цитирования: Горбачев В.В., Смирнов А.А., Метелёв Е.А. Прогнозирование биоразнообразия и биометрических показателей сельди (*Clupea pallasii*) Охотского моря с применением нейронных сетей // Рыбное хозяйство. 2024. № 3. С. 32-39. DOI: 10.37663/0131-6184-2024-3-32-39

NEURAL NETWORK PREDICTION OF BIODIVERSITY AND BIOMETRIC INDICATORS IN HERRING (*CLUPEA PALLASII*) OF OKHOTSK SEA

Viktor V. Gorbachev – researcher at the Research Laboratory «Biotechnology of Food Systems» of the Department of Food Technology and Bioengineering, Plekhanov Russian University of Economics; Magadan Branch of VNIRO Federal State Budgetary Institution (MagadanNIRO), Moscow, Russia

Andrey A. Smirnov – Doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Chief Researcher of the Department of Marine Fishes of the Far East, All-Russian Scientific Research Institute of Fisheries and Oceanography (VNIRO); Professor of the Department of Exact and Natural Sciences, Northeastern State University (SVSU); Associate Professor of the Department of Ichthyology, Dagestan State University (DSU), Moscow, Russia

Evgeniy A. Metelyov – Candidate of Biological Sciences, Head of the Magadan Branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution VNIRO (MagadanNIRO), Magadan, Russia

Addresses:

1. Plekhanov Russian University of Economics – Russia, 115054, Moscow, Stremyanny Lane, 36

2. Magadan Branch of VNIRO Federal State Budgetary Educational Institution (MagadanNIRO) – Russia, 685000, Magadan, Portovaya str., 36/10

3. Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography (FGBNU VNIRO) – Russia, 105187, Moscow, Okruzhnoy proezd, 19,

4. Northeastern State University – Russia, 685000, Magadan, Portovaya str., 13

5. Dagestan State University – Russia, 367025, Makhachkala, Gadzhieva str., 43a

Annotation. The paper presents data on the prediction of morphometric measurements for herring of the Sea of Okhotsk using machine learning algorithms (neural networks). It has been shown that at least 12 features correlate with each other with a high and very high degree of correlation ($r > 0.7-0.9$). The possibility of using neural networks to predict missing morphometric (and other types of) data for any biological objects, regardless of their geographical habitat, is demonstrated.

As an example, the values of 6 morphometric features were given, such as: the length of the entire fish (ab), the weight of the fish, the distance between P and V (vz), the lengths of the lower and upper blades C, the anteanal distance. The predicted values, as shown, deviated from the reference values for a number of measurements from 0.2% to 3%, which is less than the natural variance in the sample, reaching up to 14% in some respects. Everything presented allows us to propose neural networks as a modern scientific method, for example, to eliminate the lack of statistical data or to «close the needs» for obtaining new morphometric measurements.

Keywords: Pacific herring, machine learning algorithms, Sea of Okhotsk, morphometric parameters of biodiversity, biodiversity, neural networks, forecasting

For citation: Gorbachev V.V., Smirnov A.A., Metelev E.A. (2024). Neural network prediction of biodiversity and biometric indicators in herring (*Clupea pallasii*) of Okhotsk Sea // Fisheries. No. 3. Pp. 32-39.

DOI: 10.37663/0131-6184-2024-3-32-39

Таблицы составлены автором / The tables are compiled by the author

Рисунок – авторский / The drawing was made by the author

ВВЕДЕНИЕ

В 1992 г., при поддержке ООН и при участии 150 стран мира, на 6 языках была принята «Конвенция о биологическом разнообразии» [1]. Согласно этому документу, под термином «биологическое разнообразие» понимают вариативность живых организмов, в том числе из наземных и морских водных экосистем, включая в себя как внутривидовую изменчивость, так и межвидовое и экосистемное разнообразие.

В настоящее время под термином «биоразнообразие» на внутривидовом уровне понимают различные его аспекты, такие как: различия в морфологических признаках, адаптивные формы, а также накопленное генетическое разнообразие, как часть общего внутривидового биоразнообразия [2; 3]. Исследование и описание всех перечисленных аспектов важно для проведения экологических и генетических изысканий, поиска и реконструкций межвидового взаимодействия, а также – влияния факторов эволюции, как на отдельно взятый вид, так и на биоценозы в целом [3; 4].

Как известно, биологическое разнообразие является следствием как мутационных, так и адаптационных процессов, протекающих на уровне отдельных популяций организмов. Установления корреляционных зависимостей между факторами внешней среды и биологическими признаками особенно важны для видов, имеющих широкие ареалы [5].

К подобным видам в морских экосистемах относятся далеко мигрирующие массовые виды, например, тихоокеанская сельдь и минтай [6]. Несмотря на то, что на биомассу минтая приходится до 80% биомассы в некоторых уловах, исследования сельди проводятся более

длительный срок, и они в ряде случаев более детализированы [7].

Одним из регионов, где исследования тихоокеанской сельди ведутся достаточно длительный период, является акватория Охотского моря. К настоящему времени, например, накоплены различные данные по ее популяционной структуре, потоку генов, мечения рыб и путям ее миграции, питанию и морфометрическим показателям биоразнообразия [6].

Что касается последнего, то в ряде случаев исследователи не проводят полных морфометрических измерений, даже если придерживаются одной и той же схемы снятия мерок (за рубежом схемы измерения могут сильно отличаться от принятой в РФ). Это приводит к пробелам в данных и осложнениям дальнейшего анализа. Более того, как показали исследования, значения морфометрических признаков для свежей и дефростированной рыб сильно отличаются между собой [8].

Выходом из сложившейся ситуации может быть совмещение походов из различных отраслей знания в одном и том же исследовании. В частности, методы основанные на прогнозировании значений с применением алгоритмов машинного обучения (нейронные сети) [9].

Если ставшие к настоящему времени классическими, генетические методы, повсеместно распространены (методы определения генетического разнообразия), то алгоритмы машинного обучения все еще набирают свою популярность [9]. Однако в любом случае подобные технические подходы позволяют обойти сложности, связанные с различиями схем морфометрических измерений, полученных разными авторами.

Например, часто используемый в советской и российской литературе, промер АС – длина

тела рыбы до средних лучей хвостового плавника часто заменяется в иностранной литературе промером AD – длина до начала хвостового плавника. Подобные подходы не дают возможности производить хоть какие-либо сопоставления между собой, логичным выходом из сложившейся ситуации была бы единая база данных, содержащая как фото, так и видео фиксированные данные, что позволило бы применять, например, для морфометрических измерений методы преобразования Фурье [10; 11]. Это в свою очередь позволило бы полностью отказаться от «классического» морфометрического порядка измерения. Однако пока эта база данных не создана, для приведения морфометрических значений от разных авторов к единообразию, а равным образом и для устранения пробелов в числовых значениях, алгоритмы машинного обучения могут быть с успехом применены [9].

К одному из часто применяемых алгоритмов, для подобного рода целей, относятся искусственные нейронные сети (далее – ИНС). Они подходят как для кластеризации, так и для распознавания паттернов, распределения и выявления внутренних связей в библиотеках данных, и уже не раз с успехом применялись для расчета и прогнозирования неизвестных ранее величин [9; 12; 13; 14].

По сути, ИНС составляют математические матрицы с возможностью внесения в них функций нелинейной регрессии с высокой прогностической мощностью, структура которых частично имитирует взаимодействие биологических нейронов. Далее мы будем применять следующие термины: обучение ИНС – процесс, аппроксимации выдаваемых ИНС значений к эталонным величинам (обучение с учителем). Один цикл обучения называется эпохой. Нейрон в сети – основная ее ячейка или вычислительный блок, производящий расчеты по встроенному автором алгоритму, называемому функцией активации. Архитектура сети – топологическая структура связей нейронов между собой посредством синапсов. Синапсы ИНС – связи между нейронами, каждому из которых может быть присвоено значение весов. Нейроны в сети бывают трех типов – входные (на них приходят входные или задаваемые значения), скрытые – в них происходят процедуры пересчета значений, и выходные нейроны – они выдают итоговые значения нейронной сети. Более подробное описание ИНС ранее в литературе уже приводилось [13].

Таким образом, цель нашего исследования – применить алгоритмы и показать возможности использования ИНС для прогнозирования морфометрических данных сельди Охотского моря.

Дополнительная цель исследования – выявление необходимого и достаточного числа морфометрических признаков, а также выявления возможности «редукции» всего известного массива данных, с помощью которых можно достаточно полно описывать морфологическую изменчивость скоплений рыб из разных частей ареала.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

В качестве данных для обучения ИНС мы применили значения, полученные нами при непосредственном морфометрическом анализе (1018 экземпляров, северная часть Охотского моря: Гижигинская губа, Тауйская губа и Охотск), а также измерения, для которых производились прогнозирования величин (275 значений – о. Сахалин, п. Ноглики, п. Взморье, с. Урожайное). Укажем, что все исследованные данные по сельди относятся к весеннему периоду (нерестовая сельдь), собранные с 1999 по 2007 годы. Архитектуру ИНС, а также схожие условия ее обучения мы описывали ранее в литературе. Внутренний слой состоял из 12 нейронов, функция активации логсигмоидная функция – LogSg.

Список признаков, применяемых при обучении, – пластические признаки: вес рыбы, возраст, длина головы (ao); вертикальный диаметр глаза (np); длина заглазничного отдела головы (po); тела до средних лучей хвостового плавника (ac); длина верхнечелюстной кости (a_1a_6); наибольшая высота тела (qh); наименьшая высота тела (ik); антедорсальное расстояние (aq); постдорсальное расстояние (rd); антевентральное расстояние (az); наибольшая высота A (ej); длина всей рыбы (ab); длина нижней челюсти (a_1l_1); длина основания спинного плавника D (qs); высота спинного плавника D (tu); длина брюшного плавника V (zz_1); высота головы у затылка (lm); длина хвостового стебля (fd); длина основания анального плавника A (yy_1); длина грудного плавника P (vx); длина верхней лопасти хвостового плавника (C); длина нижней лопасти хвостового плавника C; расстояние между (V и A) (zy); расстояние между P и V (vz); антеанальное расстояние (ay); длина тела рыбы без C (ad); длина рыла (an); межглазничное расстояние; длина средних лучей хвостового плавника (dc); ширина лба; длина грудных плавников (vx). Меристические признаки: количество лучей в спинном, анальном, брюшном и грудных плавниках, а также – количество тычинок в жаберной дуге и позвонков в позвоночнике. Всего, согласно принятому в России порядку измерений сельди, 38 морфометрических признаков [8].

Общая структура нейронной сети представлена на рисунке 1. Все значения сводились в табличном редакторе Excel 2010, там же производилась основная статистическая обра-

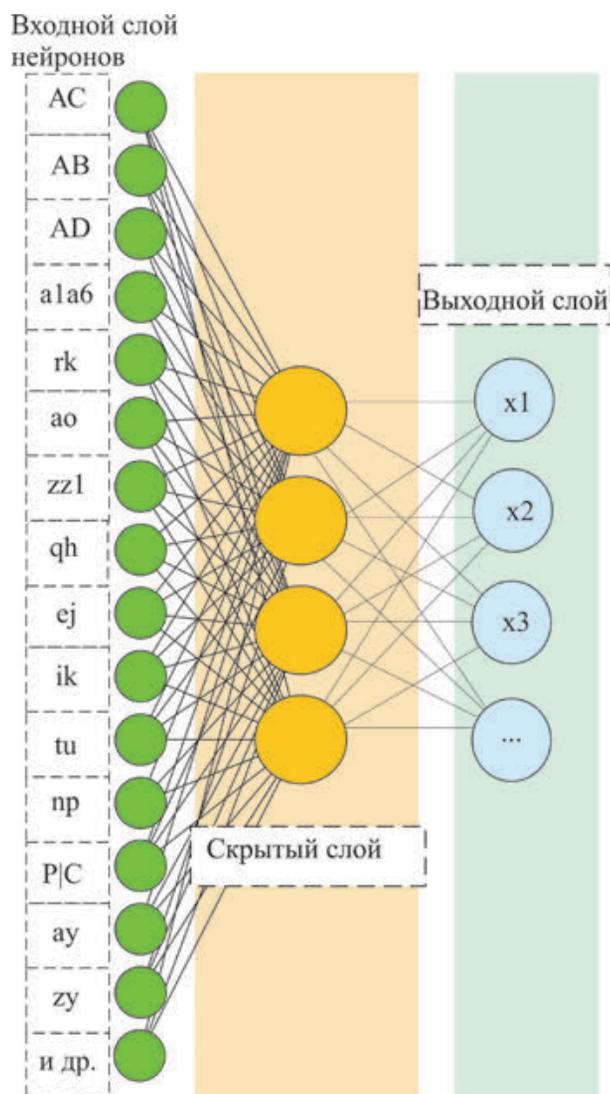


Рисунок 1. На рисунке схематически показана архитектура ИНС, с указанием слоев нейронов, слева – в произвольном порядке показаны входные нейроны и подписи данных для них; количество выходных нейронов в ИНС также показано схематически для визуального упрощения

Figure 1. The figure schematically shows the architecture of the ANN, indicating the layers of neurons, the input neurons and data signatures for them are shown in random order on the left; the number of output neurons in the ANN is also shown schematically for visual simplification

ботка. Весь пул данных состоял из нескольких выборок: для обучения ИНС (918 шт.), валидационная (100 шт.) и прогнозная (275 шт.). Отклонение (дельта) от эталонных величин не превышала 1%, что намного меньше естественного разброса биологических данных (в среднем в 14 раз). Всего проанализировано

38646 значений, спрогнозировано с применением ИНС – 7425 значений.

Перед прогнозированием было необходимо определить, какие из величин скоррелированы друг с другом сильной ($r \geq 0,75$) или очень сильной корреляцией ($r \geq 0,90$). Потребность в подобном рода расчетах была продиктована двумя факторами. С одной стороны – необходимостью определения минимального и достаточного числа измерений, чтобы удалить дублирующие данные. С другой стороны – точностью прогнозов ИНС, которые для величин, имеющих сильную корреляцию менее подвержены влиянию случайного разброса данных или математического смещения.

Степень скоррелированности признаков определяли по Пирсону, нулевую гипотезу H_0 отвергали только на уровне значимости, полученной после применения поправки Бонферрони на множественные сравнения ($p \approx 0,05/703 \approx 0,0000711$).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЯ

Как уже говорилось выше, немногие из применяемых в России «часто-употребляемых» морфометрических измерений совпадают с таковыми для иностранных работ. Согласно биометрическому подходу, часть измерений может быть избыточной, подобные, дублирующие друг друга, данные необходимо удалять. Это позволит сократить количество измерений, а с другой стороны – сэкономит массу времени для исследовательских коллективов.

Для этого необходимо выявить полный список наиболее коррелирующих между собой параметров. Он представлен в табличной форме ниже (табл. 1).

Из таблицы 1 видно, что с высокой вероятностью можно точно предсказывать как минимум 12 морфометрических признаков только лишь на основании двух-одного из значений линейного тела рыбы (например, AC или AB) и веса рыбы. Отметим, что часть величин коррелирует друг с другом в пределах 0,5-0,6 (при низком уровне значимости $p < 0,0001$), что позволяет, при необходимости, производить прогнозирование и для ряда других значений, хотя и с меньшей точностью. Например, длина головы коррелирует с наименьшей и наибольшими размерами тела, постдорсальным расстоянием и основанием D и др., в пределах $r = 0,5-0,65$.

Неудовлетворительно коррелируют с другими почти все меристические признаки (например, число лучей в плавниках или жаберных тычинок в первой жаберной дуге, как и количество позвонков), как и ширина лба, биологический пол и возраст рыбы. Таким образом, необходимо произвести ранжирование признаков.

Таблица 1. Список некоторых основных попарных корреляций между значениями морфометрических признаков по Пирсону / **Table 1.** A list of some of the main pairwise correlations between the values of morphometric data according to Pearson

| № | Признак 1 | Признак 2 | Уровень связи (r)* |
|---|---|---------------------------------|--------------------|
| 1 | длина тела по Смитту (ac) длина тела без С (ad) длина тела по Смитту (ac) | длина всей рыбы (ab) | 0,964 |
| | | длина всей рыбы (ab) | 0,961 |
| | | длина тела без С (ad) | 0,964 |
| 2 | вес рыбы | наибольшая высота тела (qh) | 0,857 |
| | | антедорсальное расстояние (aq) | 0,825 |
| | | антевентральное расстояние (az) | 0,853 |
| | | антеанальное расстояние (ay) | 0,860 |
| | | расстояние между Р и V (vz) | 0,839 |
| 3 | антедорсальное расстояние (aq) | антевентральное расстояние (az) | 0,826 |
| | | антеанальное расстояние (ay) | 0,846 |
| | | дина нижней лопасти С | 0,755 |
| | | расстояние между Р и V (vz) | 0,755 |
| | | дина верхней лопасти С | 0,722 |
| 4 | антевентральное расстояние (az) | антеанальное расстояние (ay) | 0,930 |
| | | дина нижней лопасти С | 0,759 |
| | | расстояние между Р и V (vz) | 0,923 |
| 5 | антеанальное расстояние (ay) | расстояние между Р и V (vz) | 0,891 |
| | | расстояние между V и A (zy) | 0,796 |
| 6 | длина верхней лопасти С | длина нижней лопасти С | 0,853 |
| 7 | длина головы (ao) | антеанальное расстояние (ay) | 0,722 |
| | | антевентральное расстояние (az) | 0,717 |
| | | антедорсальное расстояние (aq) | 0,716 |
| | | заглазничный отдел головы (po) | 0,735 |
| 8 | наибольшая высота тела (qh) | расстояние между Р и V (vz) | 0,735 |
| | | антевентральное расстояние (az) | 0,742 |
| | | антеанальное расстояние (ay) | 0,749 |

Примечание: * – все указанные корреляции при $p < 0,0000711$

Для этих целей мы применили метод главных компонент, суть которого в редукции всего объема данных до такого их количества, чтобы можно было провести разброс значений (дифференцировать) в двумерном поле, с наименьшей потерей значений [15]. Для оценки доверительного интервала был применен метод бутстреппирования (1000 итераций).

В случае применения ковариационного подхода при расчетах, на первый компонент приходится 63,5% общей дисперсии (от 58,8 до 68,2% в 95% CI) в итоговых значениях. На второй компонент приходится в среднем 30,5% (26 до 34% в 95% CI), и на третий компонент приходится чуть менее 1%. Таким образом, на три первые компонента приходится чуть более 95% всей дисперсии.

Таблица 2. Значения морфометрических признаков, спрогнозированных для валидационной выборки, а также для выборок сельди южного Сахалина / **Table 2.** Values of morphometric data predicted for the validation sample, as well as for samples of southern Sakhalin herring.

| № | Морфометрический признак | Эталон (валидация) | Прогноз (валидация) | Прогноз (о.Сахалин) |
|---|------------------------------|--------------------|---------------------|---------------------|
| 1 | Вес рыбы, гр | 129,8±25,4 | 137,1±20,7 | 199,1±76,0 |
| 2 | Расстояние между Р и V (vz) | 76,8±5,7 | 76,6±4,8 | 88,0±10,0 |
| 3 | Длина нижней лопасти С | 46,8±2,9 | 46,9±2,6 | 49,8±7,0 |
| 4 | Антеанальное расстояние (ay) | 170,0±11,5 | 169,3±10,1 | 180,8±22,7 |
| 5 | Длина верхней лопасти С | 42,6±3,1 | 43,6±2,7 | 47,1±6,19 |
| 6 | Длина всей рыбы (ab) | 267,5±22,1 | 259,1±16,6 | 280,2±39,7 |

Примечание: Представлены в качестве примера только те величины, которые демонстрировали высокий уровень корреляции между собой, согласно таблице 1.

Определим, какие из признаков коррелируют с этими компонентами. С первым коррелирует АВ, АС, АД – 62, 57, 54%, соответственно. Со вторым компонентом коррелируют вес рыбы (93%), антедорсальное расстояние (14%), антеанальное (21%), антевентральное (16%), постдорсальное (10%) и расстояние между Р и V (11%). С третьим – отрицательная связь у параметров длины тела рыбы АВ (–60%), вес рыбы (–21%) и т.д.

Следовательно, преобладающая часть всей изменчивости данных приходится на те же самые признаки, которые, согласно таблице 1, взаимосвязаны друг с другом. Помимо того, что мы можем уменьшить размерность данных (редукция), мы, также имея ограниченный набор данных, можем с высокой точностью прогнозировать более десятка морфометрических признаков, на которые придется более 95% всей биологической изменчивости сельди, как в акватории Охотского моря, так и в близлежащих от него.

Воспользуемся ИНС для получения этих данных для выборок, например, из южной части акватории Охотского и Японского морей (275 особей). Средние значения, спрогнозированные для морфометрических признаков, коррелирующих с сильной и очень сильной связью друг с другом, а также стандартное отклонение для них представлены в таблице 2.

Стоит отметить, что в таблице 2 не представлены часть морфометрических данных, однако нейронная сеть очень хорошо предсказала значения, например, для таких признаков как: расстояние между V и A (zy) – отклонение от эталонных величин в пределах 1,2%, возраст рыб – отклонение не более 0,9%, количество позвонков – 0,6%, длина хвостового стебля – 2,0% и длина нижней челюсти – 0,25%. Часть признаков была предсказана неудовлетворительно, например, пол рыбы – отклонение составило 10% и более, ширина лба рыбы >30%.

Однако последние значения не умаляют предлагаемого нами подхода в исследованиях морфометрии в частности и биологического разнообразия в целом. Решением будет просто нахождение оптимальной структуры нейронной сети и поиск таких ее весов, при которых отклонение было бы минимально по всем из исследуемых признаков. В целом возможно применять данный подход к биоресурсам любого типа, единственное необходимое, пожалуй, условие – данные должны существенно коррелировать друг с другом.

Что касается значений, полученных в таблице 2, они согласуются с данными о том, что сельдь северной части Охотского моря несколько меньше как по темпам роста, так и по ряду

морфометрических признаков, по сравнению с сельдью из южной части этой акватории и из Японского моря. Несомненно, в части значений эти величины могут перекрывать друг друга, что требует дополнительных исследований.

В качестве заключения отметим, что современные методы, такие как алгоритмы машинного обучения, демонстрируют хорошую применимость в различных областях исследований. В первую очередь это относится к тем данным, получение которых сопряжено с рутинными анализами, в этих случаях нейронные сети могут не только сократить время исследования, но и получать различные виды данных, пропущенных при анализе в прошлых временных периодах.

Исходя из опубликованных нами значений (табл. 2), мы предполагаем возможность создания программного продукта для морфометрических исследований, который способен производить прогнозирование недостающих значений только лишь по части имеющихся измерений, в независимости от анализируемого объекта и географии исследований. Подобного рода программный продукт может быть совмещен со стадией видео и фото- фиксации образцов, с последующим анализом морфометрических данных с применением алгоритмов преобразования Фурье. Подобный подход в конечном итоге позволит вообще отказаться от «классического» порядка проведения морфометрических измерений.

БЛАГОДАРНОСТИ

Авторы выражают искреннюю признательность Э.Р. Ившиной («СахНИРО») за помощь в сборе первичного материала.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Вклад в работу авторов **Горбачев В.В.** – идея статьи, сбор материала, написание и корректировка текста, обработка графики и создание матмодели; **Смирнов А.А.** – сбор материала, руководство при подготовке рукописи, окончательная верстка и проверка; **Метелев Е.А.** – подготовка рукописи, внесение правок.

*The authors declare that there is no conflict of interest. Contribution to the work of the authors **Gorbachev V.V.** – the idea of the article, collecting material, writing and correcting text, processing graphics and creating a matmodel; **Smirnov A.A.** – collecting material, guidance in preparing the manuscript, final layout and verification; **Metelyov E.A.** – preparing the manuscript, making edits.*

ЛИТЕРАТУРА И ИСТОЧНИКИ

1. Конвенция «О биологическом разнообразии» от 5 июня 1992 года. // «Собрание законодательства Российской Федерации. Москва. 6.05.1996. С. 2254.

2. Rogers A.D., Appeltans W., Assis J., [et al.]. Discovering Marine Biodiversity in the 21st Century // Adv. Marine Biology. 2022. V. 93. Pp. 23-115. DOI:10.1016/bs.amb.2022.09.002
3. Boeuf G. Marine Biodiversity Characteristics. // C R Biol. 2011. V. 334. Pp. 435-440. DOI:10.1016/j.crv.2011.02.009
4. Miller R.S., Odum E.P. Fundamentals of Ecology // Oikos. 1954. 134 p. DOI:10.2307/3564656.
5. Nei M., Kumar S. Molecular Evolution and Phylogenetics – Oxford: Oxford Univ. Press. 2000. 333 p. ISBN 978-0-19-513585-5
6. Gorbachev V.V. Migrations as a Reason for Genetic Homogeneity of Pacific Herring (*Clupea Pallasii*) from the Sea of Okhotsk // Russian Journal of Genetics Applied Research. 2013. V. 3. Pp. 203-208. DOI:10.1134/S2079059713030052
7. Gorbachev V.V., Lapinskiy A.G., Prikoki O.V., Solovenchuk L.L. Modeling the Dynamics of the Effective Population Size of the Okhotsk Sea Pollock in the Holocene Era on the Basis of Genetic Variability in the Nd2 and Cytb mtDNA Loci // Russian Journal of Genetics. 2014. V. 50. Pp. 763-768. DOI:10.1134/S1022795414070072
8. Смирнов А.А. Биология, распределение и состояние запасов гижигинско-камчатской Сельди. – Магадан: СВГУ. 2014. 179 с.
9. Николенко С., Кадурин А., Архангельская Е. Глубокое обучение. Погружение в Мир Нейронных Сетей – СПб: Питер. 2018. 480 с.
10. Samuel O.M., Casanova P.M., Olopade J.O. Elliptical Fourier Descriptors of Outline and Morphological Analysis in Caudal View of Foramen Magnum of the Tropical Raccoon (*Procyon Cancrivorus*) (Linnaeus, 1758) // Morphologie. 2018. V. 102. Pp. 31-40. DOI:10.1016/j.morpho.2017.06.001
11. Nurdalila A.A., Bunawan H., Kumar S.V. [et al.]. Homogeneous Nature of Malaysian Marine Fish *Epinephelus Fuscoguttatus* (Perciformes; Serranidae): Evidence Based on Molecular Markers, Morphology and Fourier Transform Infrared Analysis // Int J Mol Sci. 2015. V. 16. Pp. 14884-14900. DOI:10.3390/ijms160714884
12. Bahmani L., Aboonajmi M., Arabhosseini A., Mirsaedghazi H. ANN Modeling of Extraction Kinetics of Essential Oil from Tarragon Using Ultrasound Pre-Treatment // Engineering in Agriculture, Environment and Food. 2018. V. 11. Pp. 25-29. DOI:10.1016/j.eaef.2017.10.003
13. Gorbachev V.V., Nikitina M., Velina D. [et al.]. Artificial Neural Networks for Predicting Food Antiradical Potential // Applied Sciences. 2022. V. 12. Pp. 6290. DOI:10.3390/app12126290
14. Behroozi K., Tavakoli T., Ghassemian H., Khoshtaghaza M.H., Banakar A. Applied Machine Vision and Artificial Neural Network for Modeling and Controlling of the Grape Drying Process // Computers and Electronics in Agriculture. 2013. V. 98. Pp. 205-213. DOI:10.1016/j.compag.2013.08.010
15. Sokal R.R., Rohlf F.J. Biometry: The Principles and Practice of Statistics in Biological Research/ R.R. Sokal, [Extensively rev.] 4th ed. – New York: Freeman W.H. 2012. 915 p. ISBN 978-0-7167-8604-7
2. Rogers A.D., Appeltans W., Assis J. [et al.] (2022). The discovery of marine biodiversity in the 21st century // Adv. Marine Biology. Vol. 93. Pp. 23-115. DOI:10.1016/bs.amb.2022.09.002
3. Bef G. (2011). Characteristics of marine biodiversity. // C.R. Biol. V. 334. Pp. 435-440. DOI:10.1016/j.crv.2011.02.009. Biological Journal
4. Miller R.S., Odum E.P. Fundamentals of ecology // Oikos. 1954. 134 p. DOI:10.2307/3564656
5. Ney M., Kumar S. Molecular evolution and phylogenetics – Oxford: Oxford University. Click. 2000. 333 p. ISBN 978-0-19-513585-5
6. Gorbachev V.V. Migration as a cause of genetic homogeneity of Pacific herring (*Clupea Pallasii*) from the Sea of Okhotsk // Russian Journal of Applied Genetic Research. 2013. Vol. 3. pp. 203-208. DOI:10.1134/S2079059713030052
7. Gorbachev V.V., Lapinsky A.G., Prikoki O.V., Solovenchuk L.L. Modeling the dynamics of the effective pollock population of the Sea of Okhotsk in the Holocene epoch based on genetic variability in mtDNA Nd2 and Cytb loci // Russian Journal of Genetics. 2014. vol. 50. Pp. 763-768. DOI:10.1134/S1022795414070072
8. Smirnov A.A. Biology, distribution and condition of stocks of Gizhiginsky-Kamchatka Herring. – Magadan: SVSU. 2014. 179 p. (In Rus.)
9. Nikolenko S., Kadurin A., Arkhangelskaya E. (2018). Deep learning. Introduction to the world of neural networks – St. Petersburg: Peter. 480 p. (In Rus.)
10. Samuel O.M., Casanova P.M., Olopade J.O. (2018). Elliptical Fourier contour descriptors and morphological analysis when looking from behind at the occipital foramen of a tropical raccoon (*Procyon Cancrivorus*) (Linnaeus, 1758) // Morphology. Issue 102. Pp. 31-40. DOI:10.1016/j.morpho.2017.06.001
11. Nurdalila A.A., Bunawan H., Kumar S.V. [et al.]. (2015). The homogeneous nature of the Malaysian marine fish *Epinephelus Fuscoguttatus* (Perciformes; Serranidae): evidence based on molecular markers, morphology and infrared analysis with Fourier transform // Int J Mol Sci. V. 16. pp. 14884-14900. DOI:10.3390/ijms160714884
12. Bahmani L., Abunajmi M., Arabhosseini A., Mirsaedghazi H. (2018). Modeling of the kinetics of extraction of essential oil from tarragon using ultrasound pretreatment // Engineering in agriculture, environment and food. Vol. 11. Pp. 25-29. DOI:10.1016/J.eaef.2017.10.003
13. Gorbachev V.V., Nikitina M., Velina D. [et al.]. (2022). Artificial neural networks for predicting the antiradical potential of food products // Applied Sciences. Vol. 12. p. 6290. DOI:10.3390/app12126290
14. Behruzi K., Tavakoli T., Ghassemian H., Khoshtaghaza M.H., Banakar A. (2013). Application of machine vision and artificial neural network for modeling and controlling the process of drying grapes // Computers and electronics in agriculture. Vol. 98. Pp. 205-213. DOI:10.1016/j.compag.2013.08.010
15. Sokal R.R., Rolf F.J. (2012). Biometrics: principles and practice of statistics in biological research / R.R. Sokal, [ed.] 4th ed. – New York: Freeman W.H. 915 p. ISBN 978-0-7167-8604-7

LITERATURE AND SOURCES

1. Convention on Biological Diversity of June 5, 1992. // "Collection of legislation of the Russian Federation. Moscow. 05/6/1996. p. 2254.

Материал поступил в редакцию/ Received 02.04.2024
Принят к публикации / Accepted for publication 05.04.2024