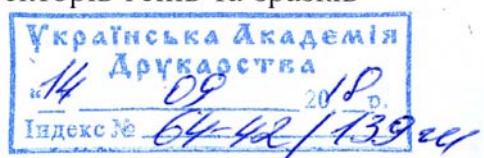


## ВІДГУК

офіційного опонента про дисертаційну роботу Бабічева  
Сергія Анатолійовича «**Теоретичні та практичні засади  
інформаційної технології обробки профілів експресій  
генів для реконструкції генних мереж**», подану на  
здобуття наукового ступеня доктора технічних наук за  
спеціальністю 05.13.06 – інформаційні технології

### 1. Актуальність теми дисертації

Сучасний стан розвитку інформаційних технологій у різних предметних галузях вимагає визначальних змін у зв'язку із збільшенням обсягів інформації для опрацювання, появою потужних технічних ресурсів та підвищеннем рівню інтелектуалізації інформації, що обробляється, що дозволить розв'язувати цілий ряд нових класів задач. Ці потреби створюють умови для розробки теоретичних і практичних зasad інформаційних технологій нової формациї. Вочевидь, що характер опрацювання інформації відповідними методами, моделями і алгоритмами визначається особливостями предметних галузей, для яких розробляється інформаційна технологія. Тому віправданим є підхід розроблення нових інформаційних технологій саме для конкретних предметних галузей. Особливої уваги щодо розроблення та впровадження нових інформаційних технологій в епоху розшифровки геному людини потребує галузь біоінформатики, особливо в частині обробки профілів експресій генів, отриманих шляхом ДНК-мікрочіпovих експериментів або методом секвенування молекул РНК для реконструкції та моделювання генних регуляторних мереж. Якісно реконструйована генна мережа сприяє кращому розумінню характеру взаємодії генів у мережі, що у свою чергу створює передумови для розробки ефективних методів раннього діагностування складних хвороб на генному рівні, створення сучасних ліків та ефективних методів лікування даних хвороб. До особливостей експериментальних даних у даній предметній галузі слід віднести високу розмірність простору ознак. Кожний об'єкт, що досліджується, характеризується десятками тисяч генів. Реконструкція генної мережі на основі повної сукупності генів не є ефективним, оскільки: по перше, це потребує великої кількості комп'ютерних ресурсів; по друге, інтерпретація отриманих результатів є проблематичною. Тому особливої актуальності набуває завдання виділення взаємнокорельованих векторів генів та зразків



для реконструкції генної мережі, при цьому характер зв'язків між даними генами повинен максимально відповідати характеру зв'язків між даними генами у біологічній мережі організму, що досліджується. Для розв'язування цього завдання на даний час є актуальним бікластерний аналіз. Але застосування бікластерного аналізу для повного масиву даних не вирішує дану проблему. Виникає питання обґрутованого вибору кількості бікластерів та рівня деталізації. Крім того, пряме застосування даної технології приводить до втрати великої кількості корисної інформації.

Таким чином, відсутність моделей методів та засобів обробки профілів експресій генів для реконструкції генних регуляторних мереж створює актуальну науково-прикладну проблему, вирішення якої можливо шляхом створення ефективних методів інтелектуального аналізу й опрацювання складних даних, розробки теоретичних та практичних зasad інформаційної технології обробки профілів експресій генів для реконструкції генних мереж і розробки технології реконструкції та валідації моделей генних мереж із застосуванням кількісних критеріїв оцінки топології мережі.

Вирішенню зазначененої актуальної науково-прикладної проблеми і присвячена дисертаційна робота Бабічева Сергія Анатолійовича «Теоретичні та практичні засади інформаційної технології обробки профілів експресій генів для реконструкції генних мереж».

### **Зв'язок роботи з науковими програмами, планами і темами.**

Дисертаційна робота Бабічева С.А. виконана в рамках наукового напрямку кафедри інформатики і комп'ютерних наук Херсонського національного технічного університету і пов'язана з планами наукових досліджень, які виконувалися відповідно до таких науково-дослідних робіт: «Розробка гіbridних нейро-фазі-імунних алгоритмів інформаційних систем та технологій для розв'язання задач вбіоінформатиці та обчислювальний біології» (№ ДР 0116U002841); «Синтез гіbridних еволюційних алгоритмів та методів для моделювання генних регуляторних мереж» (№ ДР 0116U002840); «Розробка теоретичних зasad побудови інтелектуальних систем класифікації на основі онтології» (№ ДР 0113U007833). Тематика дисертаційного дослідження відповідає пріоритетним напрямкам розвитку науки і техніки, що сформульовані в Законах України “Про наукову і науково-технічну діяльність”, “Про національну програму інформатизації”, а також відповідають

планам найважливіших науково-технічних програм Міністерства освіти та науки України, зокрема: 6 – Інформатика, автоматизація та приладобудування; 6.2.1 – Інтелектуалізація процесів прийняття рішень; 6.2.2 – Перспективні інформаційні технології і системи.

## **2. Ступінь обґрунтованості наукових положень, висновків і рекомендацій, сформульованих у дисертаційній роботі**

Наукові положення, висновки і рекомендації дисертаційної роботи Бабічева С.А. обґрунтовані коректним та доцільним використанням необхідного математичного апарату, успішною програмною реалізацією розробленої інформаційної технології обробки профілів експресій генів для реконструкції генних мереж, ефективним практичним впровадженням результатів дисертаційного дослідження, що продемонструвало відповідність теоретичних досліджень та отриманих реальних результатів.

Методологія досліджень дисертаційної роботи ґрунтуються на методах індуктивного моделювання складних систем, методах математичної статистики, теорії оптимізації, методах кластерного і бікластерного аналізів при розроблені індуктивної технології об'єктивної кластеризації та гібридної моделі кластер-бікластерного аналізу. При розроблені методології й інформаційної технології реконструкції та валідації моделей генних регуляторних мереж використано теорію графів, теорію оптимізації, методи багатокритеріального аналізу. Розроблення інформаційної технології формування масиву експресій генів, фільтрації та редукції профілів експресій генів ґрунтуються на методах системного аналізу, методах ймовірнісно-статистичного моделювання, вейвлет-аналізі і методах нечіткого моделювання. Практична реалізація розроблених методів, моделей і алгоритмів здійснювалася на основі засобів і технологій сучасного прикладного програмування.

### **Достовірність наукових положень, висновків та рекомендацій**

Достовірність наукових положень, висновків та рекомендацій підтверджується повнотою розгляду об'єкта дослідження та застосування методів, адекватних предмету дослідження. Достовірність забезпечується також коректною постановкою проблеми, мети та задач дисертаційного дослідження.

Достовірність і обґрунтованість результатів базується на коректному використанні: принципів індуктивного моделювання складних систем,

методів системного аналізу, методів ймовірнісно-статистичного моделювання, вейвлет-аналізу і методів нечіткого моделювання, теорії оптимізації і методів математичної статистики, методів і алгоритмів кластерного та бікластерного аналізів, теорії графів, методів багатокритеріального аналізу та теорії прийняття рішень.

Достовірність отриманих у дисертації результатів базується також на успішній апробації отриманих результатів на Міжнародних та Всеукраїнських наукових та науково-практичних конференціях (в тому числі закордонних та таких, матеріали яких індексуються у наукометричних базах Scopus та Web of Science).

Достовірність теоретичних та практичних результатів підтверджується також успішним впровадженням розроблених методів у Херсонському обласному онкологічному диспансері в системах ранньої діагностики онкологічних захворювань, у товаристві з додатковою відповідальністю «Херсонський маслозавод» для діагностики якості молочної продукції на основі лабораторних досліджень, а також у навчальному процесі двох університетів України та в університеті імені Яна Євангеліста Пуркіне в Усті над Лабем, Чехія.

#### **4. Наукова новизна результатів досліджень та їх теоретичне значення**

Наукова новизна досліджень полягає у вирішенні актуальної науково-прикладної проблеми розроблення теоретичних та практичних зasad інформаційної технології обробки профілів експресій генів для розв'язання задач реконструкції та валідації моделей генних регуляторних мереж.

При цьому у дисертаційній роботі автором отримано такі нові та важливі наукові результати:

*уперше розроблено:*

- гібридну модель кластер-бікластерного аналізу профілів експресій генів для групування генів та зразків з метою подальшої реконструкції генних мереж, що ґрунтується на комплексному використанні щільнісного алгоритму кластеризації DBSCAN і самоорганізуючого алгоритму кластеризації SOTA у рамках індуктивної технології об'єктивної кластеризації та методу бікластеризації «ensemble», що дозволило підвищити якість обробки інформації за рахунок розпаралелювання процесу її обробки та застосування комплексних

кількісних критеріїв якості обробки інформації на кожному етапі групування даних;

– технологію фільтрації та редукції високорозмірних складних даних з метою видалення шумової компоненти і неінформативних ознак за статистичними та ентропійними критеріями, яка ґрунтуються на комплексному використанні вейвлет-аналізу і теорії нечіткого моделювання, що дозволило підвищити інформативність досліджуваних даних за рахунок зменшення рівня шуму видалення ознак, що не є інформативними за групою критеріїв, які використовуються;

– модель вейвлет-фільтрації профілів експресій генів для видалення фонового шуму, відмінною рисою якої є паралельна оцінка інформативності фільтрованих даних і видаленої шумової компоненти, яка дозволяє оптимізувати визначення параметрів вейвлет фільтру на основі комплексного аналізу фільтрованого сигналу та шумової компоненти;

– технологію реконструкції та валідації моделей генних мереж, яка ґрунтуються на комплексному використанні топологічних параметрів мережі, функції бажаності Харрінгтона та ROC-аналізі, що дозволило оптимізувати топологію мережі шляхом об'єктивного визначення параметрів алгоритму реконструкції генно-регуляторної мережі;

*набули подальшого розвитку:*

– методологія індуктивного моделювання складних систем за рахунок застосування її основних положень до індуктивної технології об'єктивної кластеризації, що підвищує об'єктивність групування об'єктів шляхом використання внутрішніх і зовнішніх критеріїв якості кластеризації та комплексного критерію балансу;

– методи багатокритеріальної оптимізації в системах прийняття рішень за рахунок комплексного використання внутрішніх і зовнішніх критеріїв якості обробки інформації та узагальненого індексу бажаності Харрінгтона;

– методи оптимізації визначення параметрів алгоритмів кластерного табікластерного аналізів за рахунок використання комплексних кількісних критеріїв оцінки якості обробки інформації;

*удосконалено:*

– індуктивну технологію об'єктивної кластеризації для розв'язання задач групування об'єктів складної природи, яка ґрунтуються на основних принципах індуктивного моделювання складних систем, методах

багатокритеріальної оптимізації системного аналізу, що дозволило підвищити об'єктивність класифікації об'єктів за зменшенням похибки відтворюваності в процесі аналізу та обробки інформації;

– технологію обробки даних мікрочіпових експериментів за рахунок системного підходу до обробки інформації і застосування критерію ентропія Шеннона, що розрахована за методом Джеймса та Стейна, для оцінки якості обробки даних на кожному етапі реалізації даного процесу.

У дисертаційній роботі «Теоретичні та практичні засади інформаційної технології обробки профілів експресій генів для реконструкції генних мереж» надобуття наукового ступеня доктора технічних наук Бабічев С.А. не використовував матеріалів своєї дисертації «Автоматизована система технічної діагностики міцнісних характеристик металів на основі гібридних нейронних мереж» надобуття наукового ступеня кандидата технічних наук, захищеної у 2003 році в Херсонському національному технічному університеті за спеціальністю 05.13.06 – автоматизовані системи управління та прогресивні інформаційні технології.

## **5. Практичне значення результатів та рекомендації щодо їх подальшого використання**

Практичне значення результатів дисертаційної роботи Бабічева С.А. полягає у становленні наукової основи для розробки й удосконалення методів обробки профілів експресій генів для реконструкції генних мереж, що створює умови для розробки нових методів ранньої діагностики та лікування складних хвороб на генному рівні.

*Практична цінність* отриманих у дисертаційній роботі наукових результатів полягає в тому, що розроблені технології, методи та алгоритми забезпечують: підвищення якості матриці експресій генів у випадку застосування ДНК-мікрочіпових експериментів за рахунок обґрунтованого визначення оптимальної комбінації методів обробки даних мікрочіпу ДНК; підвищення ефективності фільтрації високорозмірних складних даних за рахунок коректного визначення параметрів вейвлет-фільтру, що відповідають максимальному значенню відношення ентропій Шеннона, розрахованих для видаленої шумової компоненти та корисного фільтрованого сигналу; підвищення інформативності експериментальних даних за рахунок обґрунтованого видалення неінформативних генів за

статистичними критеріями таентропією Шеннона із застосуванням системи нечіткого логічного виводу; підвищення об'єктивності кластеризації складних даних за рахунок коректноговикористання основних принципів індуктивного моделювання складних систем у рамках індуктивної технології об'єктивної кластеризації; підвищення достовірності бікластерного аналізу профілів експресій генів за рахунок використання кількісних внутрішніх критеріїв оцінки якості бікластеризації даних, що досліджуються; підвищення якості реконструкції моделей генних мереж за рахунок коректнопроведених процесів передобробки та кластеризації профілів експресій генів із застосуванням комплексної критеріальної оцінки топології генних мереж.

*Практичну значущість* результатів дисертаційного дослідження підтверджує впровадження розробленої інформаційної технології обробки профілів експресій генів для реконструкції генних мереж: у Херсонському обласному онкологічному диспансері в системах ранньої діагностики онкологічних захворювань, (акт впровадження від 30.11.2017 р.), у товаристві з додатковою відповідальністю «Херсонський маслозавод» для діагностики якості молочної продукції на основі лабораторних досліджень (акт впровадження від 16.11.2017), в Українській академії друкарства, на факультеті видавничо-поліграфічної, інформаційної технології, м. Львів у процесі проведення лекційних занять і лабораторних робіт із курсів «Організація баз даних і баз знань», «Аналіз даних» та «Моделювання інформаційних систем і процесів» (акт впровадження від 10.01.2018 р.), у Херсонському національному технічному університеті, на кафедрі інформатики і комп'ютерних наук у процесі проведення лекційних занять і лабораторних робіт із курсів «Інтелектуальний аналіз даних і знань» та «Комп'ютерні інформаційні технології» (акт впровадження від 23.11.2017 р.), та в університеті імені Яна Євангеліста Пуркіне в Усті над Лабем, Чехія, на кафедра інформатики в процесі проведення лекційних і семінарських занять із курсів «DataMining», «Аналіз та візуалізація даних» (акт впровадження від 21.12.2017 р.).

## **6. Оцінка змісту дисертаційної роботи**

Дисертаційна робота складається з анотацій на 23 сторінках, вступу, шести розділів, висновків, списку використаних літературних джерел на 30 сторінках, що включає 314 найменувань, шести додатків на 19 сторінках, 29

таблиць та 190 рисунків. Загальний обсяг роботи становить 404 сторінки, обсяг основного тексту – 309 сторінок.

**Вступ** присвячено обґрунтуванню актуальності тематики, визначеню об'єкта та предмета досліджень, формування мети та задач, розв'язання яких сприяє досягненню поставленої мети, визначеню наукової новизни та практичної цінності одержаних результатів, а також наведенню відомостей про апробацію результатів досліджень та структуру роботи.

**Перший розділ** присвячений аналізу предметної області. Проаналізовано існуючі методи обробки даних для реконструкції генних регуляторних мереж, Проведений порівняльний аналіз методів визначення експресій генів, визначеніх переваги та недоліки. Проаналізовані основні етапи передобробки даних експресій генів, визначені шляхи підвищення якості передобробки інформації. Розглянуто різні підходи по моделюванню генних регуляторних мереж, Сформульовані концептуальні основи створення інформаційної технології обробки інформації для реконструкції та валідації моделей генних мереж.

**Другий розділ** присвячений розробці технології передобробки експериментальних даних з метою підвищення їх інформативності. Розглянуто три етапи передобробки даних ДНК-мікрочіпових експериментів: формування матриці експресій генів, фільтрацію профілів експресій генів із редукцією неінформативних генів за статистичними критеріями та ентропією Шеннона. Запропоновано алгоритм покрокової обробки даних ДНК-мікрочіпових експериментів, який дозволяє визначити оптимальну комбінацію методів передобробки даних, технологію визначення оптимальних параметрів вейвлет-фільтру на основі комплексного аналізу фільтрованого сигналу та виділеної шумової компоненти, технологію редукції профілів експресій генів на основі методів нечіткої логіки і комплексного використання статистичних критеріїв та ентропії Шеннона.

**Третій розділ** присвяченорозробці індуктивної технології об'єктивної кластеризації, яка представлена у вигляді покрокової схеми реалізації процедури об'єктивного вибору оптимальної кластеризації на основі застосування індуктивних методів моделювання складних систем. Проведений порівняний аналіз ефективності внутрішніх критеріїв якості кластеризації на окремих рівнопотужніх підмножинах даних. Як результат, запропоновано комплексний мультиплікативний внутрішній

критерій якості кластеризації, який має більшу розділячу здатність у порівнянні з іншими критеріями, що досліджувалися. Зовнішній критерій якості кластеризації розраховувався як нормалізована різниця внутрішніх критеріїв, розрахованих для двох рівнопотужніх підмножин даних. Для остаточного вибору об'єктивної кластеризації у випадку протиріч між внутрішніми та зовнішнім критеріями запропоновано комплексний критерій балансу, який розраховувався на основі функції бажаності Харрінгтона. Архітектура індуктивної технології об'єктивної кластеризації представлена у вигляді структурної блок-схеми алгоритму розрахунку критеріїв якості кластеризації. Практична реалізація даної технології передбачає застосування будь-якого алгоритму кластеризації даних.

**Четвертий** розділ присвячений практичної реалізації індуктивної технології об'єктивної кластеризації на основі щільнісного алгоритму кластеризації DBSCAN та самоорганізуючого алгоритму SOTA. Запропоновано структурні блок схеми процесу паралельної покрокової обробки даних на двох рівнопотужних підмножинах з одночасним розрахунком комплексного критерію балансу на кожному кроці групування об'єктів у межах зазначеного інтервалу зміни параметрів відповідного алгоритму. Як результат моделювання, розроблено гібридну модель групування профілів експресій генів на основі комплексного застосування методів кластеризації та бікластеризації у вигляді структурної блок-схеми алгоритму покрокової обробки інформації. Практична реалізація даної моделі передбачає застосування алгоритму кластеризації DBSCAN на першому етапі та алгоритму SOTA на другому етапі. У результаті реалізації даної процедури видаляються профілі експресій генів, що ідентифікуються як шум та отримуються дві підмножини профілів експресій генів для подальшої обробки. Третій етап передбачає бікластеризацію даних на отриманих кластерах. Реалізація даної процедури дозволяє зберегти більше корисної інформації для подальшої реконструкції генних мереж упорівнянні з традиційними методами.

**П'ятий** розділ присвячений розробленню технології реконструкції й валідації моделей генних мереж на основі комплексного використання топологічних параметрів мережі, узагальненого індексу бажаності Харрінгтона та ROC-аналізу. На основі проведених досліджень запропоновано інформаційну технологію обробки профілів експресій генів для реконструкції моделей генних мереж. Її практична реалізація

передбачає покроковий процес обробки інформації із застосуванням методів, моделей та алгоритмів, розроблених у дисертаційній роботі.

**У шостому розділі** наведені результати практичної реалізації запропонованої інформаційної технології із застосуванням даних мікрочіпових експериментів, які містять інформацію про експресії генів пацієнтів, щодосліджувалися на різні типи хвороб.

**Висновки** по роботі повністю висвітлюють отримані результати та відповідають вимогам, які висуваються до висновків у дисертаціях на здобуття наукового ступеня доктора технічних наук.

**Список літератури** достатньо повно охоплює предметну галузь. Варто відзначити сучасність джерел, на які посилається дисертант, а також велику кількість сучасних іноземних публікацій, на які посилається дисертант під час огляду існуючого стану досліджень.

**Додатки** до роботи містять: діаграми шумових компонент, що використовувалися в процесі моделювання по оцінці ефективності методів розрахунку ентропії Шеннона, приклади зображень ДНК-мікрочіпів, теплову карту розподілу експресій генів об'єктів, що досліджувалися в процесі моделювання, діаграму розподілу експресій генів об'єкту, що використовувався в процесі моделювання по визначеню оптимальних параметрів вейвлет-фільтру, параметри налаштування системи нечіткого логічного виведу моделі редукції неінформативних профілів експресій генів, оригінальні зображення ДНК-мікрочіпів пацієнтів, що досліджувалися на хворобу Альцгеймера, акти впровадження результатів дисертаційної роботи, список публікацій здобувача та відомості про апробацію результатів дисертації.

## **7. Стиль, оформлення дисертації та автореферату. Повнота викладення наукових положень у публікаціях та відповідність спеціальності**

Дисертаційна робота Бабічева С.А. подана з використанням формально-логічного способу викладення матеріалу. Для відображення логічних зв'язків автор використовує причинно-наслідкові відношення, які вказують на послідовність розвитку думки. Усі частини роботи взаємоузгоджені, структура дисертації є логічною. Мовностилістичне оформлення дисертаційної роботи здійснене на високому науковому рівні. В цілому, дисертаційна робота оформлена у відповідності до вимог

«Порядку присудження наукових ступенів» щодо дисертацій на здобуття наукового ступеня доктора технічних наук.

Зміст автореферату ідентичний основним положенням дисертаційної роботи.

Вимоги щодо кількості та якості публікацій виконано. Основні наукові результати дисертаційної роботи опубліковані у необхідному обсязі у монографіях, періодичних зарубіжних виданнях, фахових наукових виданнях України, а також апробовані на 18 Міжнародних та Всеукраїнських наукових та науково-практичних конференціях, зокрема, варто відзначити участь дисертанта у таких конференціях, як: 13th International Conference, BDAS-2017(Beyond Databases, Architectures and Structures), 2017, Ustron, Poland; XII-th IEEE International Scientific and Technical Conference «Computer Science and Information Technologies», 2017, Lviv, Ukraine; IEEE 37th International Conference on Electronics and Nanotechnology (ELNANO), 2017, Kiev, Ukraine; The 1<sup>st</sup> th IEEE International Conference on Data Stream Mining & Processing, 2016, Lviv, Ukraine.

За темою дисертаційної роботи опубліковано 46 наукових праць, з яких 2 публікації у колективних англомовних монографіях, що включені у міжнародну наукометричну базу Scopus, 23 статті у фахових наукових виданнях України та закордоном з технічних наук, 3 статті у наукових виданнях України, які індексуються у наукометричній базі Scopus, 18 публікацій у збірниках матеріалів міжнародних і національних конференцій, з яких 4 індексуються у наукометричних базах Scopus i Web of Science. 11 публікацій є одноосібні.

Дисертація відповідає планам найважливіших науково-технічних програм МОН України, зокрема: 6 – Інформатика, автоматизація приладобудування; 6.2.1 – Інтелектуалізація процесів прийняття рішень; 6.2.2 – Перспективні інформаційні технології і системи.

#### **8. До недоліків та зауважень дисертаційної роботи можна віднести:**

1. Можна суттєво скротити занадто детальне подання матеріалу щодо особливостей функціонування природніх генних мереж у розділі 1.1 роботи.

2. Із роботи незрозуміло, яким чином визначався рівень шумової складової в процесі проведення порівняльного аналізу методів оцінки ентропії Шеннона.

3. Чим визначається доцільність паралельної оцінки ентропії Шеннона для фільтрованих даних та виділеної шумової компоненти при вейвлет-фільтрації даних, що досліджуються?

4. У чому полягає «об'єктивність» запропонованої технології кластеризації профілів експресій генів?

5. Результат роботи алгоритму кластеризації SOTA, який реалізований у програмному середовищі R, визначається великою кількістю параметрів: вагові коефіцієнти усіх клітин, максимальне значення коефіцієнту варіації, параметр  $\lambda$  тощо. Запропонована модель передбачає визначення оптимальних значень тільки вагового коефіцієнта сусідньої клітини та максимального значення коефіцієнта варіації. Чим обумовлений даний вибір?

6. Внутрішній критерій якості бікластеризації розраховувався на основі евклідової відстані. Чому не використовувалася кореляційна відстань, доцільність застосування якої для профілів експресій генів доведена у розділі 3?

7. Доцільно було б при валідації реконструйованих моделей генних мереж окрім оцінки наявності зв'язків між відповідними генами у різних мережах врахувати характер цих зв'язків (позитивний або негативний).

8. ROC-крива у запропонованій технології валідації моделей генних мереж дляожної генної мережі буде відображенням по трьом точкам (початок кривої, її кінець та отримані координати точки). Кількісна оцінка рівню адекватності моделі генної мережі у даному випадку є проблематичною. Яка доцільність використання даного методу у запропонованій технології валідації моделей генних мереж?

9. Доцільно було б для оцінки ефективності запропонованої інформаційної технології використати дані, що отримані не лише шляхом ДНК-мікрочіпovих експериментів, але і методом секвенування молекул РНК.

Слід зазначити, що дані зауваження не є принциповими, істотно не впливають на зміст дисертаційної роботи та не знижують її наукової цінності.

## **9. Загальні висновки**

Дисертаційна робота Бабічева Сергія Анатолійовича «Теоретичні та практичні засади інформаційної технології обробки профілів експресій генів для реконструкції генних мереж» є завершеною кваліфікаційною науковою працею, у якій отримані нові науково обґрунтовані результати, що в сукупності вирішують актуальну науково-прикладну проблему розроблення теоретичних та практичних засад інформаційної технології обробки профілів експресій генів для реконструкції та валідації моделей генних регуляторних мереж.

Основні положення дисертаційної роботи теоретично обґрунтовані і практично підтвердженні. Отримані наукові результати є значущими та ваговими для галузі інформаційних технологій. Дисертаційна робота відповідає спеціальності 05.13.06 – інформаційні технології.

Вважаю, що за актуальністю тематики, рівнем виконання, новизною отриманих результатів, їх науковим і практичним значенням та обґрунтованістю висновків дисертаційна робота відповідає вимогам пп. 9, 10, 12 «Порядку присудження наукових ступенів», а її автор, Бабічев Сергій Анатолійович, заслуговує на присудження наукового ступеня доктора технічних наук за спеціальністю 05.13.06 – інформаційні технології.

Офіційний опонент,  
професор кафедри комп’ютерних наук та  
інформаційних технологій Української  
академії друкарства МОН України,  
д.т.н., професор

O.B. Тимченко

Підпис д.т.н., проф. Тимченка О.В. засвідчує  
Вчений секретар УАД,  
к.т.н., доцент

З.М. Сельменська

