

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА 24.1.101.01
НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО БЮДЖЕТНОГО
УЧРЕЖДЕНИЯ НАУКИ ИНСТИТУТА ПРОБЛЕМ ПЕРЕДАЧИ
ИНФОРМАЦИИ ИМ. А.А. ХАРКЕВИЧА РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ
НАУК ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ
ДОКТОРА БИОЛОГИЧЕСКИХ НАУК

Аттестационное дело № _____

Решение диссертационного совета
от 05 февраля 2024, протокол № 19

о присуждении Федору Анатольевичу Колпакову,
гражданину Российской Федерации,
ученой степени доктора биологических наук.

Диссертация «Компьютерное моделирование биологических систем и анализ биомедицинских данных» по специальности 1.5.8 – математическая биология, биоинформатика принята к защите 26 октября 2023 года, протокол № 16, диссертационным советом 24.1.101.01 на базе Федерального государственного бюджетного учреждения науки Института проблем передачи информации им. А.А. Харкевича Российской академии наук (127051, г. Москва, Большой Каретный переулок, д. 19, стр. 1, приказ о создании №978/нк от 16 декабря 2013 года).

Соискатель Колпаков Федор Анатольевич, 1973 года рождения, в 1995 году с отличием окончил Новосибирский Государственный Университет по специальности "молекулярная биология". В 2011 г. он защитил диссертацию на соискание ученой степени кандидата биологических наук по теме «Формальное описание и моделирование биологических систем» по специальности 03.01.09 - математическая биология, биоинформатика (ДКН №139599 от 01.07.2011), научный консультант – д.б.н., проф. Владимир Васильевич Поройков. С 2002 по настоящее время Колпаков Ф.А. является руководителем лаборатории биоинформатики Федерального исследовательского центра информационных и вычислительных технологий, г. Новосибирск. В 2021 г. он перешел на постоянную работу в Научно-технологический университет «Сириус», где в настоящее время является научным руководителем направления «Вычислительная биология» научного центра

генетики и наук о жизни. Стаж научной работы после присвоения ученой степени кандидата биологических наук - 12 лет.

Диссертация выполнена в лаборатории биоинформатики Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр информационных и вычислительных технологий»), г. Новосибирск, Россия.

Научный консультант: Поройков Владимир Васильевич, член-корреспондент РАН, доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник, заведующий отделом биоинформатики и лабораторией структурно-функционального конструирования лекарств, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт биомедицинской химии имени В.Н. Ореховича».

Официальные оппоненты:

1. **Копылов Филипп Юрьевич**, доктор медицинских наук, профессор, директор, Институт персонализированной кардиологии, Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова Министерства здравоохранения Российской Федерации.
2. **Пальянов Андрей Юрьевич**, доктор физико-математических наук, исполняющий обязанности директора, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт систем информатики им. А.П. Ершова Сибирского отделения Российской академии наук.
3. **Самсонова Мария Георгиевна**, доктор биологических наук, профессор Высшей школы прикладной математики и вычислительной физики, заведующая научно-исследовательской лабораторией «Математическая биология и биоинформатика», Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого»

дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук своим положительном заключении, подписанном заведующим лабораторией функциональной геномики к.б.н. Брускиным С.А., и утвержденном директором Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук д.б.н., проф.

Кудрявцевым А.С., отметила, что работа имеет огромный объем (около 400 страниц) и содержит очень разнородную информацию, включая разработку программного комплекса и биологические приложения. Одним из главных замечаний является попытка диссертанта изложить весь, имеющий отношение к работе, материал. В работу включены огромные приложения, включающие в себя списки программных модулей на языке Java, созданные при разработке BioUML. Эти списки являются техническими, и обычно информация такого рода сообщается через ссылки на репозитории. Также не очень ясна логика деления материала на основной текст и приложения: основные результаты некоторых исследований, например результаты численного моделирования эпидемиология COVID изложены в приложениях, включая сравнение с экспериментальными данными, в то же время разные технические подробности создания моделей включены в основной текст. Тем не менее, работа в целом хорошо оформлена, аккуратно написана хорошим языком.

В заключении указано, что "Диссертационная работа Колпакова Ф.А. является оригинальным исследованием, содержит ряд новых научных результатов, как теоретических, так и практических, и по сути открывает ряд новых направлений в вычислительной биологии, как в области анализа омиксных данных, так и в области моделирования медицинских показателей при развитии хронических заболеваний.

Научные положения, выносимые на защиту, выводы, сформулированные в диссертации полностью обоснованы, их достоверность и новизна не вызывает сомнений.

Диссертация Колпакова Федора Анатольевича «Компьютерное моделирование биологических систем и анализ биомедицинских данных», представленная на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.8 – математическая биология, биоинформатика, является законченной научно-квалификационной работой, полностью соответствующей требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора наук согласно п. 9-14 «Положение о присуждении ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 № 842, а её автор, Колпаков Федор Анатольевич, достоин присуждения искомой ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.8 — математическая биология, биоинформатика."

Отзыв на диссертационную работу обсужден и утвержден на семинаре лаборатории системной биологии и вычислительной генетики Института общей генетики РАН им. Н.И. Вавилова 7.11.2023.

В отзыве оппонента д.м.н., проф. Копылова Ф.Ю., давшего положительную общую оценку работе отмечено, что "В автореферате указано, что работа состоит из 9 глав, хотя в действительности она состоит из 8 глав".

В отзыве оппонента д.ф.-м.н. Пальянова А.Ю. отмечено "По моему мнению, данная работа, без преувеличения, является выдающейся и представляет собой заметное событие в отечественной и мировой науке." Приведен ряд замечаний, связанных орфографическими ошибками и опечатками, в основном в окончаниях слов, а также технических замечаний. Задано несколько вопросов: "В автореферате на с. 16 сказано, что объем программного кода составляет "Лауа — 6 199 файлов, объем 36.8 MG, — 1.2 млн. строк кода, JavaScript — 74 файла, 1.5 Мб, ~ 50 000 строк кода", а на с. 20 имеется абзац об автоматической генерации кода. Хотелось бы уточнить: 1.2 млн. строк — это с учетом автоматической генерации? Каково соотношение между объемами кода, написанного вручную и сгенерированного автоматически?". Указанные замечания незначительны, не снижают высокой оценки уровня диссертационной работы и не влияют на понимание её сути, результатов и научной ценности.

В отзыве оппонента д.б.н., проф. Самсоновой М.Г. приведены следующие замечания и рекомендации:

- В работе большинство разработанных моделей создается путем объединения известных из литературы моделей подсистем. Позволяет ли такой подход моделировать эмергентные свойства систем и если да, то какие.
- Большинство разработанных моделей предлагается использовать в описательной моде через подбор параметров, дающий наилучшее совпадение с экспериментальными данными. Такой подход часто используется в моделировании, но для доказательства правильности модели он недостаточен. Хотелось бы получить ответ, какие предсказания можно сделать из разработанных в работе моделей и какие простейшие экспериментальные проверки этих предсказаний можно было бы сделать.

- Отметим также, что визуальная оценка совпадения результатов численного моделирования с данными клинических исследований (рис. 7.5.1.) не должна подменять статистическую оценку, которая, к сожалению, отсутствует.

Эти замечания, однако, не влияют на общую высокую оценку работы.

Материалы диссертационной работы отражены в **75 научных публикациях**, включая: 34 публикации в журналах Q1 и Q2 Web of Science/Scopus, 12 публикаций в журналах Q3 и Q4 Web of Science/Scopus, 3 главы в монографиях. Издано 1 учебное пособие. Получено 7 свидетельств на регистрацию программ и баз данных для ЭВМ.

Наиболее значительные статьи Колпакова Ф.А. по теме диссертации:

1. **Kolpakov F.**, Akberdin I.R., Kiselev I.N., Kolmykov S.K., Kondrakhin Y., Kulyashov M., Kutumova E.O., Pintus S.S., Ryabova A., Sharipov R.N., Yevshin I.S., Zhatchenko S., Kel A. BioUML – towards a universal research platform // *Nucleic Acids Research* – 2022. – V.50(W1). – P.W124-W131.
2. Kutumova E., Kiselev I., Sharipov R., Lifshits G., **Kolpakov F.** Mathematical modeling of antihypertensive therapy // *Frontiers in Physiology* – 2022. – V.13. – Art.1070115.
3. Akberdin I.R., Kiselev I.N., Pintus S.S., Sharipov R.N., Vertyshev A.Y., Vinogradova O.L., Popov D.V., **Kolpakov F.A.** A modular mathematical model of exercise-induced changes in metabolism, signaling, and gene expression in human skeletal muscle // *International Journal of Molecular Sciences* – 2021. – V.22(19). – Art.10353.
4. Kolmykov S., Yevshin I.S., Kulyashov M., Sharipov R.N., Kondrakhin Y., Makeev V.J., Kulakovskiy I.V., Kel A., **Kolpakov F.** GTRD: an integrated view of transcription regulation // *Nucleic Acids Research* – 2021. – V.49(D1). – P.D104-D111.
5. Kutumova E., Kiselev I., Sharipov R., Lifshits G., **Kolpakov F.** Thoroughly Calibrated Modular Agent-Based Model of the Human Cardiovascular and Renal Systems for Blood Pressure Regulation in Health and Disease // *Frontiers in Physiology* – 2021. – V.12. – Art.746300.
6. Sharipov R.N., Kondrakhin Y.V., Ryabova A.S., Yevshin I.S., **Kolpakov F.A.** Assessment of transcriptional importance of cell line-specific features based on GTRD and FANTOM5 data // *PloS ONE* – 2020. – V.15(12). – Art.e0243332.
7. Kolmykov S.K., Kondrakhin Y.V., Yevshin I.S., Sharipov R.N., Ryabova A.S., **Kolpakov F.A.** Population size estimation for quality control of ChIP-Seq datasets // *PloS ONE* – 2019. – V.14(8). – Art.e0221760.
8. **Kolpakov F.**, Akberdin I., Kashapov T., Kiselev I., Kolmykov S.,

- Kondrakhin Y., Kutumova E., Mandrik N., Pintus S., Ryabova A., Sharipov R.N., Yevshin I., Kel A. BioUML: an integrated environment for systems biology and collaborative analysis of biomedical data // *Nucleic Acids Research* – 2019. – V.47(W1). – P.W225-W233.
9. Yevshin I., Sharipov R., Kolmykov S., Kondrakhin Y., **Kolpakov F.** GTRD: a database on gene transcription regulation-2019 update // *Nucleic Acids Research* – 2018. – V. 47(D1). – P. D100-D105.
10. Yevshin I., Sharipov R., Valeev T., Kel A., Kolpakov F. GTRD: a database of transcription factor binding sites identified by ChIP-seq experiments // *Nucleic Acids Research* – 2017. – V.45(D1). – P.D61-D67.
11. Kutumova E., Sharipov R., **Kolpakov F.**, Zinovyev A. Model composition through model reduction: a combined model of CD95 and NF- κ B signaling pathways // *BMC Systems Biology* – 2013. – V.7. – Art.13.
12. Le Novère N., Hucka M., Mi H., Moodie S., Schreiber F., Sorokin A., Demir E., Wegner K., Aladjem M.I., Wimalaratne S.M., Bergman F.T., Gauges R., Ghazal P., Kawaji H., Li L., Matsuoka Y., Villéger A., Boyd S.E., Calzone L., Courtot M., Dogrusoz U., Freeman T.C., Funahashi A., Ghosh S., Jouraku A., Kim S., **Kolpakov F.**, Luna A., Sahle S., Schmidt E., Watterson S., Wu G., Goryanin I., Kell D.B., Sander C., Sauro H., Snoep J.L., Kohn K., Kitano H. The Systems Biology Graphical Notation // *Nature Biotechnology* – 2009. – V.27(8). – P.735-741.
13. Киселев И. Н., Бибердорф Э. А., Баранов В. И., Комлягина Т. Г., Мельников В. Н., Суворова И. Ю., Кривошеков С. Г., **Колпаков Ф. А.** Персонализация параметров и валидация модели сердечно-сосудистой системы человека // *Математическая биология и биоинформатика* – 2015. – Т.10(2). – С.526-547.
14. Kutumova E. O., Kiselev I. N., Sharipov R. N., Lavrik I. N., **Kolpakov F. A.** A modular model of the apoptosis machinery // *Advances in Experimental Medicine and Biology* – 2012. – V.736. – P.235-245.
15. Бибердорф Э.А., Блохин Ф.М., Киселев И.Н., Семисалов Б.В., **Колпаков Ф.А.** Система кровообращения человека – математическое и компьютерное моделирование: учебное пособие. Новосибирск: РИЦ НГУ 2015. – 187 с.

На автореферат диссертации поступили положительные отзывы от:

1. **Колчанов Николай Александрович**, академик РАН, д.б.н., профессор, заведующий отделом системной биологии, научный руководитель ФИЦ Институт Цитологии и Генетики СО РАН, г. Новосибирск.
2. **Лисица Андрей Валерьевич**, академик РАН, д.б.н., заведующий лабораторией, ФБГНУ «Научно-исследовательский институт биомедицинской химии имени В.Н. Ореховича», г. Москва.

3. **Пантелеев Михаил Александрович**, член-корреспондент РАН, д.ф.-м.н., профессор РАН, директор, ФГБУН Центр теоретических проблем физико-химической фармакологии Российской академии наук, г. Москва.
4. **Василевский Юрий Викторович**, член-корреспондент РАН, д.ф.-м.н., профессор, заместитель директора по науке, ФГБУН Институт вычислительной математики им. Г.И. Марчука Российской академии наук, г. Москва.
5. **Лифшиц Галина Израилевна**, д.м.н., профессор, заведующая лабораторией персонализированной медицины, ФГБУН "Институт химической биологии и фундаментальной медицины" Сибирского отделения Российской академии наук, г. Новосибирск.
6. **Бочаров Геннадий Алексеевич**, д.ф.-м.н., ведущий научный сотрудник ФГБУН «Институт вычислительной математики им. Г.И. Марчука» Российской академии наук, г. Москва.

Замечания в отзывах на автореферат: в отзыве **Ю.В. Василевского** задана вопроса по верификации гидродинамической модели кровотока по сети из 55 крупных артерий человека на каких-либо тестовых задачах (бенчмарках), и отмечено, что концепция цифровых двойников предусматривает двусторонние информационные связями между моделью и реальным объектом, в отличие от односторонней, рассмотренной в диссертации.

В отзыве **Г.А. Бочарова** имеются следующие вопросы и замечания:

- не описаны численные методы, которые используются в ПК BioUML для решения систем ОДУ, уравнений с запаздыванием, стохастических моделей;
- какие подходы реализованы в ПК BioUML для идентификации моделей;
- не обсуждается вопрос о том, насколько увеличение размерности модельного описания сложных биологических систем влияет на сопутствующую неопределённость, связанную с вариабельностью значений параметров и (в известной степени) феноменологической природой уравнений.

В отзывах **Н.А. Колчанова**, **А.В. Лисицы**, **М.А. Пантелеева**, **Г.И. Лифшиц** замечаний и дискуссионных комментариев нет.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обоснован опубликованными ими работами по вопросам биоинформатики, математическому моделированию биологических систем и анализу биомедицинских данных, в том числе по темам, непосредственно относящимся к тематике диссертации, и безусловной компетентностью в биоинформатических исследованиях и математическом моделировании.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований:

разработана новая эффективная технология для итерационного создания, тестирования и повторного использования модульных моделей сложных биологических систем, имеющих иерархическую структуру.

Предложенная технология **реализована как новый программный комплекс BioUML** реализующий весь инструментарий, необходимый для успешного использования предложенной технологии. Это существенно ускоряет и упрощает процесс построения, отладки и валидации сложных моделей биологических систем, содержащих сотни и тысячи переменных и уравнений.

Его уникальными особенностями являются интеграция методов анализа данных высокопроизводительных технологий с возможностями построения моделей сложных биологических систем и поддержка широкого круга подходов к моделированию биологических систем.

По результатам независимых сравнений BioUML признан единственным в мире симулятором биологических моделей, который проходит все тесты на правильность численного моделирования биологических систем SBML Test Suite Core v3.3.0, а также является самым быстрым симулятором. В состав разработанного программного комплекса BioUML также включены методы, программы, сценарии для анализа и графического представления биомедицинских данных.

Представленная в диссертационной работе **платформа Sirius-web** сочетает в себе возможности платформы BioUML для моделирования и анализа данных и платформы GitLab для хранения, управления и документирования проектов, что позволяет **создать среду, в которой возможна эволюция моделей**. Это позволяет существенно ускорить разработку новых компьютерных моделей сложных биологических систем

путем развития и объединения уже существующих математических моделей биологических систем.

С использованием разработанной технологии и программного комплекса BioUML построены новые модульные модели сложных биологических систем, включая: процессы, происходящие на клеточном уровне (метаболизм, транскрипция, отдельные пути передачи сигнала, апоптоз); регуляцию артериального давления у человека; лекарственную терапию артериальной гипертензии; эпидемиологию COVID-19. Представленные в работе математические модели регуляции артериального давления у человека и лекарственной терапии артериальной гипертензии являются одними из лучших в России и мире.

Разработана технология построения цифрового двойника пациента и показана ее применимость на примере оптимизации выбора лекарственной терапии для лечения артериальной гипертензии. Для решения проблемы идентификации параметров модели для конкретного пациента этой проблемы **предложен принципиально новый подход**, когда для каждого пациента строится популяция виртуальных пациентов, которые совпадают с заданным пациентом по наблюдаемым клиническим параметрам, но имеют различные значения внутренних скрытых параметров модели. Выбор оптимальной лекарственной терапии производится путем моделирования лечения различными антигипертензивными препаратами всей такой популяции и анализом однородности отклика отдельных пациентов.

Создана новая база данных GTRD, которая обеспечивает единообразную аннотацию, контроль качества, обработку и интеграцию большого объема экспериментальных данных секвенирования нового поколения (NGS) по регуляции транскрипции для 10 видов эукариот. В настоящее время является крупнейшей в России базой данных по генетической информации (общий объем, включая исходные NGS данные, составляет 600+ ТБ) и одной из крупнейших в мире по регуляции транскрипции. При создании базы данных GTRD были предложены **новые подходы для интеграции данных ChIP-seq экспериментов** и достоверного выявления соответствующих районов связывания транскрипционных факторов. На основе методов машинного обучения разработаны модели для предсказания уровня транскрипции для наиболее экспериментально исследованных клеточных линий на основе собранных и интегрированных NGS данных.

Теоретическая значимость диссертационной работы обусловлена тем, что разработан ряд новых технологий:

- технология для итерационного создания, тестирования и использования модульных моделей биологических систем;
- технология объединения данных из различных NGS экспериментов в виде кластеров и мета-кластеров;
- технология построения цифрового двойника пациента.

Практическая значимость диссертационной работы:

Разработанный программный комплекс BioUML можно рассматривать как полнофункциональную отечественную биоинформатическую платформу, что особенно важно для обеспечения технологического суверенитета Российской Федерации в этой области. В этом качестве ПК BioUML используется в ряде отечественных проектов.

Разработанная технология создания модульных моделей биологических систем и реализующий ее программный комплекс BioUML позволили перейти на более высокий уровень сложности создания таких моделей, а также упростили и ускорили, с точки зрения создателей моделей, этот процесс.

Созданная база данных GTRD является высоко востребованной, широко используемой и цитируемой (более 400 цитирований).

Оценка достоверности результатов исследования показала их высокую точность и воспроизводимость. Все компьютерные модели биологических систем, представленные в диссертации, выложены в открытый доступ на платформе Sirius-web, а для воспроизводимости основных результатов там же представлены соответствующие Jupyter блокноты.

Результаты диссертационной работы **внедрены** в научные исследования и образовательный процесс ряда организаций, включая: Институт аналитического приборостроения РАН, Институт белка РАН, Институт медико-биологических проблем РАН, Федеральный исследовательский центр информационных и вычислительных технологий, Новосибирский государственный университет, Казанский федеральный университет, Научно-технологический университет «Сириус», что подтверждается соответствующими актами внедрения, а также могут использоваться и другими научными и образовательными

организациями, работающими в области компьютерного моделирования биологических систем и анализа биомедицинских данных.

Материалы диссертации полностью изложены в опубликованных работах.

Личный вклад соискателя включает как полностью самостоятельно созданные концепции, технологии, модели, алгоритмы, программные средства и научные результаты, так и результаты, полученные при совместной работе с коллегами или под руководством соискателя.

Соискателем предложена новая технология для итерационного создания, тестирования и использования сложных модульных моделей биологических систем, сформулированы соответствующие идеи и подходы. В 2002 г. соискателем была создана первая версия ПК BioUML. В дальнейшем развитии этой платформы под его постоянным руководством приняло участие более 30 человек. Соискателем осуществлялись разработка и развитие архитектуры ПК BioUML, начиная от настольного приложения и заканчивая облачным веб-приложением, написан начальный код ключевых Java библиотек для доступа к данным, их объектно-ориентированного представления и визуализации, мета-модель для представления биологических моделей и ряд других.

Под руководством соискателя была создана база данных GTRD, при этом он сформулировал ключевые идеи и подходы.

Под руководством соискателя, на основе ПК BioUML и предложенной им технологии, были разработаны приведенные в диссертационной работе модульные модели биологических систем. Соискателем была разработана технология построения цифрового двойника пациента, архитектура и ключевые идеи платформы Sirius-web.

Личный вклад соискателя в ключевых совместных работах носит основополагающий, принципиальный характер.

Работа обладает внутренним единством, цельным изложением и внутренне непротиворечивыми выводами. По своему содержанию диссертация отвечает паспорту специальности «1.5.8 – Математическая биология, биоинформатика», направления:

1. Математическое и компьютерное моделирование живых систем: биомолекул, ферментативных реакций, метаболических и

- сигнальных путей, субклеточных структур, клеток, тканей, органов, систем органов, организмов, популяций, биоценозов.
2. Компьютерная системная биология (геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика, другие омиксные исследования).
 3. Математическое и компьютерное моделирование структурно-функциональных взаимоотношений отдельных биомолекул и их взаимодействий в клетке (интерактомика).
 11. Организация, ведение и использование специализированных мультидисциплинарных банков данных и баз знаний по биологии и медицине, в т.ч. банков междисциплинарных данных.
 12. Разработка и применение новых вычислительных алгоритмов для анализа экспериментальных данных в биологии и медицине.
 14. Математические модели, численные методы, алгоритмы и программные средства применительно к процессам получения, накопления, обработки и систематизации биологических и медицинских данных и знаний.

Диссертационный совет пришел к выводу о том, что диссертация представляет собой завершенное научное исследование. По актуальности, новизне, объему и значимости проделанной работы диссертация безусловно соответствует требованиям установленным Положением «О порядке присуждения ученых степеней», утвержденных Постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. №842, с изменениями Постановления Правительства Российской Федерации от 21 апреля 2016 г. №335, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора биологических наук.

На заседании 05 февраля 2024 года диссертационный совет принял решение присудить Колпакову Федору Анатольевичу ученую степень доктора биологических наук по специальности 1.5.8. — математическая биология, биоинформатика за решение научной задачи по разработке технологии и инструментария (программный комплекс и базы данных) для эффективного построения и использования сложных модульных моделей биологических систем в интеграции с анализом геномных/омиксных данных.

При проведении тайного голосования из 15 человек, входящих в состав диссертационного совета, в заседании участвовали 12 человек, из

них 7 докторов наук по специальности рассматриваемой диссертации.
Проголосовали за - 12, против - 0, недействительных бюллетеней - 0.

Председатель
диссертационного совета 24.1.101.01
д.б.н., профессор



Гельфанд М.С.

Ученый секретарь
диссертационного совета 24.1.101.01
д.б.н.



Казенников О.В.



05 февраля 2024