

Тамара Бардадим, к.ф.-м.н., Наталія Новоселова, к.т.н.,  
Сергій Осипенко, Вадим Скобцов, к.т.н.

## ДЕЯКІ ТЕХНОЛОГІЧНІ ЗАСАДИ РОЗРОБКИ БІМЕДИЧНИХ ІНТЕЛЕКТУАЛЬНИХ АНАЛІТИЧНИХ СИСТЕМ

В наш час існує чимало біоінформаційних платформ, які дозволяють проводити біомедичні наукові обчислення із дотриманням сучасних вимог до них (наприклад – відтворюваності). Таким платформам притаманні деякі ознаки інтелектуальних аналітичних систем (ІАС). Ось декілька таких платформ – *Seven Bridges Genomics (SBG)* (<https://www.sevenbridges.com/platform/>), *Cancer Genomics Cloud (CGC)* (<http://www.cancergenomicscloud.org/>). Хмарні платформи SBG та CGC є лідерами у галузі біоінформаційних обчислень. Вони створені одним розробником – *Seven Bridges Genomics Inc.*, та мають багато спільного, зокрема – спільний програмний інтерфейс<sup>1</sup> (RESTful API). Наявність такого інтерфейсу дає можливість надбудовувати власні програмні додатки, які можуть використовувати усі можливості цих платформ. За допомогою RESTful API додаток, розташований на персональному комп'ютері, може отримувати доступ до хмарної обчислювальної інфраструктури, різномірних біомедичних даних та методів аналізу на платформі CGC. Методи аналізу, які розташовані на SBG та CGC, – це параметризовані схеми аналізу (workflows), описані за допомогою мови *Common Workflow Language (CWL)* (<https://www.commonwl.org/>). Схеми аналізу можна створювати як за допомогою текстового редактора (користуючись мовами YAML, або JSON), так із використанням графічних інструментів.

RABIX (<https://rabix.io/>) – графічний додаток, який дозволяє створювати схеми аналізу та проводити за їх допомогою обчислення як на персональному комп'ютері, так і в хмарному середовищі SBG або CGC. По суті – RABIX є прикладом програмного додатка для персонального комп'ютера, який дозволяє за допомогою RESTful API використовувати ресурси цих платформ.

В рамках українсько-білоруського проекту<sup>2</sup> по розробці методів аналізу біомедичних даних та прототипу ІАС учасниками з Білорусі було розроблено методи та програмні модулі відбору інформаційних ознак, кластеризації на основі дифузійних мап та побудови моделей гібридної класифікації [1]. В результаті тестувань програмні модулі показали переваги у їх застосуванні у порівнянні з окремими аналогічними методами як на штучно створених так і на реальних біомедичних даних. Учасниками з України було створено контейнеризований додаток *NonSmoothSVC* (із використанням технологій *Docker* (<https://www.docker.com/>) та CWL), виконано його розміщення і тестування на платформі CGC. Цей контейнеризований додаток є програмною реалізацією розробленого метода лінійної класифікації з використанням негладкої оптимізації [2].

Наслідуючи приклад у дотриманні стандартів запропонованих платформами SBG та CGC у розробці таких додатків як RABIX, можна створювати власні ІАС, яким притаманні наступні можливості: проводити обчислення як на персональному комп'ютері, так і на хмарних платформах; застосовувати методи аналізу, доступні на платформі – локально, на комп'ютері; розробляти та експортувати на платформи нові методи.

**Висновки.** Платформи SBG та CGC де-факто запроваджують стандарти для побудови ІАС. Користуючись цими стандартами, можна створювати спеціалізовані ІАС, які можуть працювати як в автономному режимі, так і у відповідних хмарних платформах.

### Література

1. N.A. Novoselova, "Evolutionary design of the classifier ensemble." In: N.A. Novoselova, I.E. Tom, S.V. Ablameyko, *Artificial Intelligence*, no. 3, pp. 429-438, 2011.
  2. Y. Zhuravlev, Y. Laptin, A. Vinogradov, N. Zhurbenko, O. Lykhovyd, O. Berezovskyi, "Linear classifiers and selection of informative features," *Pattern Recogn. and Image Anal.*, vol. 27, no. 3, pp. 426-432, 2017.
-