

НАСТАВНО-НАУЧНОМ ВЕЋУ

Предмет: Оцена научне заснованости теме докторске дисертације кандидата Предрага Обрадовића, мастер инжењера електротехнике и рачунарства

Одлуком Наставно-научног већа Електротехничког факултета бр. 1120/11 од 27.06.2025. године, именовани смо за чланове Комисије за научне заснованости теме докторске дисертације кандидата Предрага Обрадовића, мастер инжењера електротехнике и рачунарства, за израду докторске дисертације и научне заснованости теме **„Развој метода за пречишћавање означеног скупа чворова графа заснованих на теорији информација“** (енг. *“Development of information-theoretic methods for refinement of a seed set of graph nodes”*).

На основу материјала приложеног уз Захтев кандидата, Комисија подноси следећи

ИЗВЕШТАЈ

1. Подаци о кандидату

1.1. Биографски подаци

Предраг Обрадовић рођен је 11. фебруара 1995. године у Београду. Математичку гимназију у Београду завршио је као носилац Вукове дипломе 2014. године. У току основне и средње школе активно се такмичио из математике, физике и астрономије и три пута представљао Србију на Међународној олимпијади из астрономије и астрофизике. Аутор је две збирке поезије и прозе и лауреат преко стотину поетских надметања у земљи и региону.

Основне академске студије на студијском програму Софтверско инжењерство Електротехничког факултета у Београду уписао је 2014. године. Дипломирао је у септембру 2018. године са просечном оценом 9.91, одбравивши дипломски рад на тему “Модуло распоређивање петљи приоритизирањем компоненти јаке повезаности” под менторством др Зорана Јовановића. Мастер академске студије на Електротехничком факултету у Београду, на Модулу за софтверско инжењерство уписао је у октобру 2018. године. Мастер рад на тему “Примена спектралног кластерисања у детекцији комуна у социјалним мрежама” под менторством др Марка Мишића одбранио је 21. септембра 2020. године, са оценом 10, и укупном просечном оценом на мастер студијама 10.00. Докторске академске студије на Електротехничком факултету у Београду уписао је школске 2020/21. године на Модулу за рачунарску технику и информатику под менторством др Марка Мишића.

Од децембра 2018. године запослен је као сарадник у настави на Катедри за рачунарску технику и информатику Електротехничког факултета Универзитета у Београду, а од

децембра 2020. године изабран је у звање асистента на истој катедри. Учествоје у одржавању наставе на већем броју предмета на основним и мастер академским студијама.

Током рада на факултету, био је аутор и коаутор већег броја научно-стручних радова, од чега су четири публикована у међународним часописима са *impact* фактором. Ангажован је на “ETF-OMICS” међународном пројекту из области биоинформатике. Представљао је Србију 2018. године у оквиру програма за стручно усавањавање студената мастер и докторских студија “Seeds for the future” компаније Huawei. У јулу 2022. и јулу 2024. године похађао је “Advanced Computer Architecture and Compilation for High-performance Embedded Systems” (ACACES) летњу школу HIPEAC асоцијације, а у јулу 2023. године “Computer architecture for HPC and AI” летњу школу удружења ACM.

На Електротехничком факултету Предраг Обрадовић држи наставу из предмета Архитектура и организација рачунара I, Пројектовање софтвера, Перформансе рачунарских система, Конкурентно и дистрибуирано програмирање, Функционално програмирање, Анализа социјалних мрежа, Геномска информатика и Моделовање и пројектовање софтвера. У претходном периоду је учествовао у настави из предмета Оперативни системи I.

1.2. Сечено научноистраживачко искуство

Предраг Обрадовић је научно-истраживачко искуство започео 2020. године уписом на докторске академске студије на Електротехничком факултету Универзитета у Београду, за област Рачунарска техника и информатика, и на тим студијама положио је следеће испите:

- | | |
|---|------------------|
| - Мултипроцесорски системи (9 ЕСПБ) | оцена 10 (десет) |
| - Одабрана поглавља из архитектуре рачунарских система (9 ЕСПБ) | оцена 10 (десет) |
| - Увод у научни рад (6 ЕСПБ) | оцена 10 (десет) |
| - Формални језици и аутомати (9 ЕСПБ) | оцена 10 (десет) |
| - Архитектуре за подршку софтверским системима (9 ЕСПБ) | оцена 10 (десет) |
| - Вештачка интелигенција и експертски системи (9 ЕСПБ) | оцена 10 (десет) |
| - Моделовање и мерење рачунарских перформанси (9 ЕСПБ) | оцена 10 (десет) |

Кандидат је испунио све обавезе предвиђене наставним планом и програмом докторских студија: Студијски истраживачки рад I (15 ЕСПБ), Студијски истраживачки рад II (15 ЕСПБ) и Начно стручни рад (3 ЕСПБ).

Од 2020. године до данас кандидат је учествовао на више научних и стручних пројеката на Електротехничком факултету Универзитета у Београду:

- 1.1. Учешће на пројекту: „Развој хардверске, софтверске и телекомуникационе инфраструктуре е-система за контролу промета и пореза-НАСТАВАК“ на Електротехничком факултету Универзитета у Београду, финансираног од стране Министарства просвете републике Србије, 2020-2022.
- 1.2. Учешће на пројекту: „Мастер 4.0 Биоинформатика“ на Универзитету у Београду, финансираног од стране Министарства просвете републике Србије, 2024.
- 1.3. Учешће на пројекту: „Razvoj novih algoritama za OMICS podatke (ETF-OMICS)“, финансираног од стране COMPLETE GENOMICS Inc., 2022-2024.

Предраг Обрадовић је аутор 17 научних публикација. Аутор је четири рада у научним часописима са *impact* фактором. У зборницима радова међународних скупова је објавио 11 научних радова, док је на скуповима националног значаја објављивао 2 пута.

Главне области интересовања су му теорија графова, анализа социјалних мрежа и примена комплексних мрежа у биологији, медицини и биоинформатици. Нарочиту пажњу посвећује

проблемима детекције и корекције комуна и других образаца организације у комплексним мрежама.

Публикације на научним скуповима

Радови у часописима са *impact* фактором:

1. S. Branković, L. Smiljković, **P. Obradović**, M. Radonjić, and M. Mišić, "Fast Parallel CPU-GPU Approximate Spectral Clustering for Transcriptomics Data," *International Journal of Parallel Programming*, vol. 53, no. 1, 2025, doi: 10.1007/s10766-025-00783-6, IF: 0.9 [M23]
2. V. Petrosyan et al., "Identifying biomarkers of differential chemotherapy response in TNBC patient-derived xenografts with a CTD/WGCNA approach," *iScience*, vol. 26, no. 1, pp. 105799, 2023, doi: 10.1016/j.isci.2022.105799, IF: 6.107 [M21]
3. **P. Obradovic**, V. Kovačević, X. Li, and A. Milosavljevic, "An Information-Theoretic Bound on p-Values for Detecting Communities Shared between Weighted Labeled Graphs," *Entropy*, vol. 24, no. 10, p. 1329, 2022, doi: 10.3390/e24101329, IF: 2.738 [M22]
4. V. Kovačević and **P. Obradović**, "Smart Variant Filtering," *International Journal of Data Mining and Bioinformatics*, vol. 26, no. 3/4, p. 1, 2022, doi: 10.1504/IJDMB.2021.10050546, IF: 0.667 [M23]

Радови на страним конференцијама

1. L. Smiljković, **P. Obradović**, M. Mišić, and V. Kovačević, "Incorporating Practical Single Cell and Spatial Transcriptomics Analysis in a Bioinformatics Course," in 2024 11th International Conference on Electrical, Electronic and Computing Engineering (IcETRAN), 2024, doi: 10.1109/IcETRAN62308.2024.10645128. [M33]
2. M. Mišić, L. Smiljković, and **P. Obradović**, "Spectral Clustering for Transcriptomics Data: an Approximate Column Sampling Approach on the GPU," in 5th Belgrade Bioinformatics Conference – BelBi 2024, 2024. [M34]
3. I. Potkonjak, **P. Obradović**, and M. Mišić, "Scientific production and collaboration patterns of medical researchers: a case study in epidemiology and infectious diseases," in 3rd Serbian International Conference on Applied Artificial Intelligence (SICAAI), 2024.
4. A. Đajić, L. Raketić, **P. Obradović**, and M. Mišić, "SCANA: a Spatial Coordinate-based Agglomerative Node Aggregation Algorithm for Public Transport Networks," in Proceedings of the 14th International Conference on Information Society and Technology, 2024. [M33]
5. V. Petrosyan, V. Kovačević, **P. Obradović**, C. Fisher, Z. Worman, D. Sain, J. DiGiovanna, B. Davis-Dusenberry, and A. Milosavljević, "CTD2 'Connects the Dots' to capture disease genes in complex networks and its application on the Cancer Genomics Cloud," *Cancer Res.*, vol. 84, no. 6_Supplement, pp. 2330–2330, 2024. [M33]
6. I. Veljković, **P. Obradović**, and M. Mišić, "Network metrics enhanced real estate price prediction using machine learning techniques," in 2nd Serbian International Conference on Applied Artificial Intelligence (SICAAI), 2023. [M33]
7. K. Knežević, **P. Obradović**, and M. Mišić, "Evaluation of algorithms for solving the edge coloring problem in bipartite graphs," in ICIST 2023 Proceedings, 2023. [M33]
8. **P. Obradović** and M. Mišić, "Network dynamics of the online chess platform Lichess: A social network analysis case study," in Proceedings of the 12th International Conference on Information Society and Technology, 2022. [M33]
9. N. Aleksić, E. Pajić, **P. Obradović**, W. Power, M. Mišić, and Z. Obradović, "Modelling subreddit interactions by activity overlap," in 1st Serbian International Conference on Applied Artificial Intelligence (SICAAI), 2022. [M33]

10. B. Knežević, M. Obradović, **P. Obradović**, and M. Mišić, "Modeling The ATP Tour Matches: A Social Networks Analysis Approach," in 8th International Conference on Electrical, Electronic and Computing Engineering IcETRAN 2021, 2021. [M33]
11. P. Divović, **P. Obradović**, and M. Mišić, "Balancing Imbalanced Datasets Using Generative Adversarial Neural Networks," in XXIX Telecommunications Forum Telfor 2021, 2021, doi: 10.1109/TELFOR52709.2021.9653392. [M33]

Радови на домаћим конференцијама:

1. J. Stojanović, **P. Obradović**, M. Mišić, and J. Protić, "Softverski alat za generisanje kompleksne mreže zadatih karakteristika," in *Zbornik Radova Konferencije "JU INFO 2021" Informaciono društvo Srbije*, 2023. [M34]
2. A. Paripović, **P. Obradović**, and J. Protić, "Simulacija terminalne pouzdanosti neusmerene mreže korišćenjem polinoma pouzdanosti," in *XXVIII Telekomunikacioni Forum Telfor 2020*, 2020. [M34]

Дана 11.7.2025. године одржана је јавна усмена одбрана теме докторске дисертације Предрага Обрадовића, пред комисијом коју су чинили:

- др Јелица Протић, редовни професор Електротехничког факултета Универзитета у Београду,
- др Владимир Ковачевић, научни сарадник, Истраживачко-развојни институт за вештачку интелигенцију Србије,
- др Милица Јанковић, ванредни професор Електротехничког факултета Универзитета у Београду.

Комисија је кандидата на јавној усменој одбрани оценила оценом *задовољно*.

1.3. Оцена подобности кандидата за рад на предложеној теми

Комисија је размотрила све претходно наведене резултате досадашњег рада кандидата Предрага Обрадовића. Кандидат је кроз положене испите на докторским студијама, остварено учешће у стручним пројектима, успешну одбрану теме докторске дисертације и до сада објављене научне радове у часописима и на научно-стручним конференцијама, показао да је стекао неопходно искуство за самосталан научно-истраживачки рад. Комисија сматра да је кандидат способан да током израде докторске дисертације оствари резултате који ће бити верификовани од стране међународне научне заједнице. Комисија констатује да кандидат Предраг Обрадовић испуњава све потребне услове да приступи изради докторске дисертације под наведеном темом.

2. Предмет, циљ и значај истраживања

Предмет истраживања ове докторске дисертације је проблем информисаног проширивања и редукције иницијалног означеног скупа чворова у хомофилним графовима. Истраживање ће обухватити детаљан критички преглед постојеће методологије за редукцију и проширивање почетног скупа означених података, анализирајући недостатке постојећих решења. Затим ће фокус бити на развоју алгоритаМСких метода заснованих на теорији информација, које омогућавају идентификацију статистички значајних подскупова у графовима, као и рангирање кандидата за проширење иницијалног скупа чворова. Истраживање ће обухватити и мултиграфску анализу, односно рад са више графова који деле исти скуп чворова, али имају различите тополошке структуре.

Циљ истраживања је да се на основу претходно спроведене анализе унапреди постојећа методологија за идентификацију значајних подскупова чворова у графу и предложи екстензија методологије која би се позабавила проблемом проширивања почетног скупа означених чворова. Ово ће бити спроведено кроз реимплементацију и оптимизацију алгоритма *Connect the Dots* (CTD) у језику *Python* ради постизања скалабилности и ефикасности, теоријску екстензију алгоритма CTD за симултан рад са више графова који деле исти скуп чворова и развој новог алгоритма за инференцију непознатих чворова и проширење иницијалног означеног скупа.

Значај истраживања огледа се у доприносу развоју алгоритамских техника које омогућавају квалитетнију и доследнију анализу хомофилних мрежа у присуству непоузданих или непотпуних података. Применом теорије информација и ефикасне имплементације алгоритама, било би омогућено боље искоришћавање структуралних образаца у графовима у биолошким, медицинским и социјалним доменима. Предложени алгоритми могли би се користити за побољшање тачности у задацима као што су идентификација биомаркера, откривање болести са сличним механизмима, као и проширење иницијалног скупа обележених појава у различитим типовима мрежа.

Најрелевантније референце из отворене литературе у вези са тезом су:

- [1] M. McPherson, L. Smith-Lovin, and J. M. Cook, "Birds of a feather: Homophily in social networks," *Annu. Rev. Sociol.*, vol. 27, no. 1, pp. 415–444, 2001.
- [2] L. A. Adamic and E. Adar, "Friends and neighbors on the Web," *Social Networks*, vol. 25, no. 3, pp. 211–230, 2003.
- [3] L. M. Aiello *et al.*, "Friendship prediction and homophily in social media," *ACM Trans. Web*, vol. 6, no. 2, pp. 1–33, 2012.
- [4] C. G. Urzúa-Traslaviña *et al.*, "Improving gene function predictions using independent transcriptional components," *Nat. Commun.*, vol. 12, no. 1, p. 1464, 2021.
- [5] I. Lee, U. M. Blom, P. I. Wang, J. E. Shim, and E. M. Marcotte, "Prioritizing candidate disease genes by network-based boosting of genome-wide association data," *Genome Res.*, vol. 21, no. 7, pp. 1109–1121, 2011, doi: 10.1101/gr.118992.110.
- [6] P. Najafi, A. Sapegin, F. Cheng, and C. Meinel, "Guilt-by-Association: Detecting malicious entities via graph mining," in *Proc. 13th Int. Conf. Security and Privacy in Communication Networks (SecureComm)*, Niagara Falls, ON, Canada, Oct. 22–25, 2017, 2018, doi: 10.1007/978-3-319-78813-5_5.
- [7] M. A. Ahmad, B. Keegan, A. Roy, D. Williams, J. Srivastava, and N. Contractor, "Guilt by association? network based propagation approaches for gold farmer detection," in *Proc. 2013 IEEE/ACM Int. Conf. Advances in Social Networks Analysis and Mining (ASONAM)*, Niagara, ON, Canada, 2013, pp. 121–126, doi: 10.1145/2492517.2492649.
- [8] R. Andersen and K. J. Lang, "Communities from seed sets," in *Proc. 15th Int. Conf. World Wide Web (WWW)*, 2006.
- [9] V. Vyas, P. Pantel, and E. Crestan, "Helping editors choose better seed sets for entity set expansion," in *Proc. 18th ACM Conf. Inf. Knowl. Manag. (CIKM)*, 2009.
- [10] H. Tong, C. Faloutsos, and J.-Y. Pan, "Fast random walk with restart and its applications," in *Proc. 6th IEEE Int. Conf. Data Mining (ICDM)*, 2006, pp. 613–622.
- [11] A. Baptista, A. Gonzalez, and A. Baudot, "Universal multilayer network exploration by random walk with restart," *Commun. Phys.*, vol. 5, no. 1, p. 170, 2022.
- [12] D. Gleich, "PageRank beyond the Web," *SIAM Review*, vol. 57, no. 3, pp. 321–363, 2015.

- [13] X. Zhu and Z. Ghahramani, "Learning from labeled and unlabeled data with label propagation," Technical Report CMU-CALD-02-107, Carnegie Mellon University, 2002.
- [14] B. McMillan, "Two inequalities implied by unique decipherability," IRE Transactions on Information Theory, vol. 2, pp. 115–116, 1956.
- [15] A. Milosavljević and J. Jurka, "Discovering simple DNA sequences by the algorithmic significance method," Bioinformatics, vol. 9, pp. 407–411, 1993.
- [16] L. R. Thistlethwaite, V. Petrosyan, X. Li, M. J. Miller, S. H. Elsea, and A. Milosavljevic, "CTD: An information-theoretic algorithm to interpret sets of metabolomic and transcriptomic perturbations in the context of graphical models," PLoS Computational Biology, vol. 17, no. 6, p. e1008550, 2021.
- [17] L. R. Thistlethwaite et al., "Clinical diagnosis of metabolic disorders using untargeted metabolomic profiling and disease-specific networks learned from profiling data," Scientific Reports, vol. 12, no. 1, pp. 1–17, 2022.
- [18] S. Milosavljevic, K. E. Grinton, X. Li, C. Medeiros, P. Gillespie, J. R. Seavitt, B. H. Graham, and S. H. Elsea, "Untargeted metabolomics of Slc13a5 deficiency reveal critical liver–brain axis for lipid homeostasis," *Metabolites*, vol. 12, no. 4, p. 351, Apr. 2022, doi: 10.3390/metabo12040351.

3. Полазне хипотезе

Предложено истраживање полази од следећих хипотеза:

- Могуће је побољшати резултате анализа заснованих на проширивању означеног скупа чворова графа пречишћавањем почетног скупа - уклањајући чворове који су грешком означени и додајући чворове који иницијално нису укључени у означени скуп, а на основу тополошких особина графа и доменског знања о хомофилним обрасцима повезивања чворова у конкретном графу.
- Могуће је извршити пречишћавање и када постоји више графова са различитом тополошком структуром, али у највећој мери преклапајућим скупом чворова, тако да се узму у обзир информације из свих доступних графова.
- Могуће је квантификовати квалитет добијеног пречишћеног скупа коришћењем теорије информација.
- Могуће је постојећи CTD алгоритам прилагодити за једноставнију употребу уз смањење потребе за експертским знањем корисника и уз побољшање перформанси извршавања.
- Могуће је развијене методе применити у графовима који имају директну физичку интерпретацију и изражену хомофилију, нпр. у графовима заснованим на биолошким подацима, мрежама коморбидитета или у социјалним мрежама.
- Могуће је развијене методе користити независно или у комбинацији са постојећим алгоритмима за проширивање почетног означеног скупа чворова, попут алгоритама за пропагацију лабела, како би се постигли резултати упоредиви са водећим алгоритмима из ове области.

4. Научне методе истраживања

На почетку истраживања биће спроведена детаљна анализа постојећих метода за пречишћавање почетног означеног скупа чворова, као и преглед доступних скупова графова који испољавају хомофилију и на којима ће бити могуће евалуирати резултате примене

предложених алгоритама. Постојеће методе биће критички анализирани у погледу њихове скалабилности, прецизности, једноставности употребе и перформанси извршавања. Посебна пажња биће посвећена алгоритму *Connect the Dots* (CTD) и његовим претходним применама у анализи биолошких мрежа.

Истраживање ће се ослањати на интердисциплинарну комбинацију метода из области теорије графова, теорије информација и алгориташког инжењеринга. Биће развијен теоријски модел проширеног CTD алгоритма за рад са више графова, као и нови алгоритам за предвиђање кандидата за проширење означеног скупа. Ови модели биће формализовани, а њихове особине анализирани у погледу алгориташке сложености, стабилности и очекиваног понашања на симулираним подацима.

Имплементација алгоритама биће извршена у програмском језику *Python*, са посебним нагласком на ефикасност, модуларност и могућност паралелног извршавања. Развијени алати биће тестирани на реалним и синтетичким подацима, укључујући биолошке и медицинске графове, при чему ће се контролисаним експериментима процењивати тачност, стабилност и скалабилност предложених метода. За евалуацију ће бити коришћене стандардне метрике квалитета предложене листе, као што је *Normalized Discounted Cumulative Gain* (NDCG), као и *p*-вредност и кондуктанса подграфа. Остварени резултати биће упоређени са резултатима референтних алгоритама из класе метода за проширење почетног означеног скупа чворова, са циљем објективног поређења и квантификације евентуалног унапређења.

Поред квантитативне евалуације, значајан део методологије укључиваће и квалитативну анализу добијених резултата у сарадњи са доменским експертима, нарочито у контексту примене на биомедицинске мреже. Биће анализирана биолошка и клиничка релевантност предложених чворова за проширење означених скупова, уз коришћење спољних база знања. На тај начин биће верификовани резултати у реалном контексту, што ће представљати важан корак ка практичној примени метода у биомедицинским истраживањима.

5. Очекивани научни допринос

Очекује се да доприноси овог рада буду:

- Преглед постојећих метода за пречишћавање почетног означеног скупа чворова и њихова систематска анализа
- Прилагођавање и оптимизација CTD радног оквира
- Развој методологије за примену теореме о алгориташкој значајности на више графова који деле ознаке чворова, али су им топологије различите
- Проширивање CTD радног оквира функционалностима за рад са више графова
- Нова хеуристика заснована на теорији информација и цени кодирања чворова у графу, са применом у рангирању чворова по сличности са почетним скупом
- Имплементација алгоритама за проширивање почетног означеног скупа заснованог на предложеној хеуристици
- Евалуација имплементираних метода на основу различитих скупова података са физичком интерпретацијом

6. План истраживања и структура рада

Истраживање ће се састојати од следећих корака:

- Истраживање ће започети постављањем теоријског оквира у којем ће се анализирати постојећи алгоритми за проширење почетног означеног скупа, као што су

персонализовани *PageRank*, пропагација лабела и случајно лутање са рестартовањем. Посебна пажња ће бити посвећена хомофилији као концепту који омогућава закључивање и предвиђање о непознатим чворовима на основу структуре мреже, уз анализу њене повезаности са асортативношћу.

- Проблем редукције и проширења скупа означених чворова ће бити формално дефинисан, а биће уведен и по потреби проширен теоријски апарат из области теорије информација, који ће представљати основу за развој нових приступа у овом контексту.
- У другом сегменту истраживања биће спроведена детаљна анализа постојеће имплементације CTD алгорита у језику *R*, уз идентификацију његових ограничења и развој нове, оптимизоване верзије у језику *Python*. Развој ће бити спроведен тако да алгоритам буде модуларан, скалабилан и погодан за паралелно извршавање, чиме ће се омогућити примена на графовима који садрже хиљаде чворова. Перформансе алгорита ће бити проверене и потврђене на симулираним и реалним подацима, чиме ће се створити основа за даљи развој и проширење ове методологије.
- У оквиру наредне фазе истраживања, биће развијена проширена верзија CTD алгорита за рад са више графова који имају исти скуп чворова али различите топологије. Нови алгоритам омогућиће интеграцију информација из различитих извора мрежне структуре, што ће бити од посебне важности у биомедицинским подацима.
- У наставку истраживања биће предложена хеуристика за рангирање чворова графа заснована на цени њиховог енкодирања почевши од означеног скупа чворова графа. На основу ове методологије биће развијен нови алгоритам који ће користити предложену хеуристику као меру структурне и семантичке блискости између чворова у графу. Алгоритам ће омогућити рангирање неозначених чворова на основу сличности са означенима, чиме ће бити омогућено проширење иницијалног скупа. Овај алгоритам ће бити осмишљен као допуна постојећем CTD приступу, са циљем формирања обједињене методологије за прецизну и теоријски образложиву, математички поткрепљену редукцију и проширење. Нови приступ ће бити упоређен са постојећим *guilt-by-association* техникама, како би се проценила његова релативна предност у специфичним условима.
- Развијени алгоритми ће бити темељно евалуирани на широком скупу података који ће обухватити симулиране и реалне мреже различитих типова, укључујући биолошке, медицинске и социјалне графове. Евалуација ће бити спроведена коришћењем стандардних метрика за оцену квалитета рада експертских система за предлагање (енг. *recommender systems*) или поређењем са доменским знањем, рецимо на основу анализе научних радова из области.
- Коначно, развијени алгоритми ће бити примењени на биолошке и медицинске мреже, као што су мреже копертурбације метаболита, мреже коморбидитета и мреже протеинских интеракција. Циљ ће бити идентификација функционално релевантних елемената, попут потенцијалних биомаркера или болести са сличним механизмима. Резултати ће бити интерпретирани у сарадњи са доменским експертима, чиме ће се проверити њихова биолошка и медицинска релевантност. Ова фаза ће демонстрирати практичну вредност развијених метода.

7. Закључак и предлог

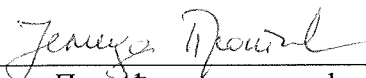
На основу приложене документације и стеченог целокупног утиска о теми докторске дисертације и досадашњег научног рада кандидата Предрага Обрадовића, мастер инжењера електротехнике и рачунарства, Комисија је дошла до следећих закључака:

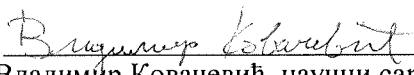
1. Кандидат испуњава све формалне и суштинске потребне услове прописане Законом о високом образовању, Статутом Универзитета у Београду и Статутом Електротехничког факултета Универзитета у Београду, за израду докторске дисертације.
2. Предложена тема „Развој метода за пречишћавање означеног скупа чворова графа заснованих на теорији информација“ јесте научно заснована, а резултати који ће проистећи из израде ове докторске дисертације представљаће значајан и оригиналан допринос међународној научној заједници. Тема припада ужој научној области Софтверско инжењерство.

На основу свега претходно изложеног, Комисија са задовољством предлаже Наставно-научном већу Електротехничког факултета у Београду да кандидату Предрагу Обрадовићу одобри израду докторске дисертације под насловом **„Развој метода за пречишћавање означеног скупа чворова графа заснованих на теорији информација“** (енг. *“Development of information-theoretic methods for refinement of a seed set of graph nodes”*) под руководством ментора др Марка Мишића, ванредног професора Електротехничког факултета Универзитета у Београду.

У Београду, 14.07.2025. године

ЧЛАНОВИ КОМИСИЈЕ


др Јелица Протић, редовни професор
Универзитет у Београду – Електротехнички факултет


др Владимир Ковачевић, научни сарадник
Истраживачко-развојни институт за вештачку
интелигенцију Србије


др Милица Јанковић, ванредни професор
Универзитет у Београду – Електротехнички факултет