

Marek Skomorowski (prof. dr hab. inż.)
Instytut Informatyki i Matematyki Komputerowej
Uniwersytetu Jagiellońskiego



Kraków, 19.08.2025

Recenzja

dotycząca wniosku w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja
Panu dr. inż. Maciejowi Piernikowi

Podstawą formalną przygotowania niniejszej recenzji było pismo Dziekana Wydziału Informatyki i Telekomunikacji Politechniki Poznańskiej z dnia 30 czerwca 2025, Pana dra hab. inż. Mikołaja Morzy, prof. Politechniki Poznańskiej. Recenzja została napisana na podstawie otrzymanej dokumentacji.

1. Podstawowe dane o Habilitancie

Pan Maciej Piernik uzyskał dyplomy inżyniera i magistra inżyniera na kierunku informatyka, na Wydziale Informatyki Politechniki Poznańskiej odpowiednio w latach 2009 i 2010. W 2015 roku uzyskał stopień doktora nauk technicznych w dyscyplinie informatyka na Wydziale Informatyki Politechniki Poznańskiej (tytuł rozprawy doktorskiej: *Pattern-based clustering and classification of XML data*).

Dotychczasowy przebieg pracy naukowo-zawodowej Pana dra Piernika przedstawia się następująco:

- Instytut Informatyki, Wydział Informatyki, Politechnika Poznańska, adiunkt (01.10.2015 – obecnie)
- Instytut Informatyki, Wydział Informatyki, Politechnika Poznańska, asystent (01.10.2010 – 30.09.2015)
- Instytut Informatyki, Wydział Informatyki, Politechnika Poznańska, programista w projekcie Eskulap (1.07.2008 – 31.12.2012)

2. Ocena osiągnięcia naukowego

Jako osiągnięcie naukowe, będące podstawą ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego zatytułowane:

*Metody klasyfikacji złożonych typów danych:
podejścia oparte na cechach, odległościach i wzorcach*

Pan dr Piernik przedstawił cykl siedmiu następujących, powiązanych ze sobą tematycznie współautorskich artykułów naukowych, opublikowanych po uzyskaniu stopnia doktora

i oznaczonych w dostarczonej dokumentacji jako: [Ref], [RSF], [DBFE], [Study], [SeqPat], [PTED], [Net]:

- [Ref] On feature extraction using distances from reference points / **Maciej Piernik**, Tadeusz Morzy, Robert Susmaga, Izabela Szczęch // Foundations of Computing and Decision Sciences - 2024, vol. 49, no. 3, s. 287 - 302 [MNiSW 2024: 40 punktów, IF 2024: 1.8]
- [RSF] Random Similarity Forests / **Maciej Piernik**, Dariusz Brzeziński, Paweł Zawadzki // W: Machine Learning and Knowledge Discovery in Databases: European Conference, ECML PKDD 2022, Grenoble, France, September 19 - 23, 2022, Proceedings, Part V / red. Massih-Reza Amini - Cham, Switzerland: Springer, 2023 - s. 53-69 [MNiSW 2023: 140 punktów]
- [DBFE] DBFE: distribution-based feature extraction from structural variants in whole-genome data / **Maciej Piernik**, Dariusz Brzeziński, Paweł Sztromwasser, Klaudia Pacewicz, Weronika Majer-Burman, Michał Gniot, Dawid Sielski, Oleksii Bryzghalov, Alicja Woźna, Paweł Zawadzki // Bioinformatics - 2022, vol. 38, iss. 19, s. 4466 - 4473 [MNiSW 2022: 200 punktów, IF 2022: 6,931]
- [Study] A study on using data clustering for feature extraction to improve the quality of classification / **Maciej Piernik**, Tadeusz Morzy // Knowledge and Information Systems - 2021, vol. 63, iss. 7, s. 1771-1805 [MNiSW 2021: 100 punktów, IF 2021: 2,531]
- [SeqPat] Assessing the Effectiveness of Sequences of Treatments Using Sequential Patterns / **Maciej Piernik**, Joanna Sołomiewicz, Arkadiusz Jachnik // W: Artificial Intelligence in Medicine: 17th Conference on Artificial Intelligence in Medicine, AIME 2019, Poznan, Poland, June 26–29, 2019: Proceedings / red. David Riaño, Szymon Wilk (WI), Annette ten Teije - Cham, Switzerland: Springer International Publishing, 2019 - s. 131-135 [MNiSW 2019: 70 punktów]
- [PTED] Partial Tree-Edit Distance: A Solution to the Default Class Problem in Pattern-Based Tree Classification / **Maciej Piernik**, Tadeusz Morzy // W: Advances in Knowledge Discovery and Data Mining: 21st Pacific-Asia Conference, PAKDD 2017, Jeju, South Korea, May 23-26, 2017, Proceedings, Part II / red. Jinho Kim - Cham, Switzerland: Springer, 2017 - s. 208-219 [MNiSW 2017: 140 punktów]
- [Net] Using Network Analysis to Improve Nearest Neighbor Classification of Non-network Data / **Maciej Piernik**, Dariusz Brzeziński, Tadeusz Morzy, Mikołaj Morzy // W: Foundations of Intelligent Systems: 23rd International Symposium, ISMIS 2017, Warsaw, Poland, June 26-29, 2017: Proceedings / red. Marzena Kryszkiewicz - Cham, Switzerland: Springer, 2017 - s. 105-115 [MNiSW 2017: 20 punktów]

W publikacji [Ref] rozwinięto i uogólniono podejście oparte na grupowaniu (klasteryzacji). Sformalizowano proces ekstrakcji cech bazujący na odległościach od punktów referencyjnych

i zaproponowano nową metodę ich wyboru opartą na analizie centralności węzłów sieci. W zaproponowanym podejściu zbiór danych jest przekształcany w pełny graf ważony i jest obliczana centralność każdego węzła, a następnie dla każdego przykładu obliczane są nowe cechy $X_1 \dots X_k$ na podstawie odległości od każdego z k wybranych punktów referencyjnych $r_1 \dots r_k$. Oszacowano złożoność obliczeniową zaproponowanej metody. Przeprowadzono testy zaproponowanego podejścia na piętnastu zbiorach danych pozyskanych z dostępnych repozytoriów. Z analizy wyników przeprowadzonych eksperymentów wynika, że zaproponowana metoda wyboru punktów referencyjnych w oparciu o lokalne maksima miary centralności jest lepsza niż tradycyjne podejście wybierające punkty o najwyższych wartościach tej miary. Implementacja zaproponowanej metody, jak również środowisko eksperymentalne i wyniki przeprowadzonych eksperymentów są dostępne publicznie w repozytorium GitHub. Na deklarowany przez Habilitanta wkład w publikację [Ref] składa się: opracowanie zaproponowanej metody ekstrakcji cech przez wybór punktów referencyjnych; zaproponowanie i opracowanie pojęcia Θ -sąsiedztwa i neuronowej interpretacji punktów referencyjnych; całościowa implementacja zaproponowanych rozwiązań; przeprowadzenie wszystkich eksperymentów; autorstwo większości tekstu publikacji.

W publikacji [RSF] zaproponowano oryginalny algorytm oparty o lasy losowe, nazwany RSF (*Random Similarity Forest*), który łączy w sobie cechy algorytmów *Random Forest* i *Similarity Forest*. Klasyfikator RSF pozwala na klasyfikację obiektów o dowolnie zdefiniowanych cechach. W zaproponowanym podejściu cechy mogą być dowolnego typu i nie muszą być jednorodne w ramach zbioru danych. Metoda RSF pozwala na wykorzystanie tych wszystkich danych w ramach jednego klasyfikatora zakładając, że każda z cech ma podaną co najmniej jedną miarę odległości pozwalającą na porównywanie między sobą obiektów w ramach tej cechy. Oszacowano złożoność obliczeniową zaproponowanej metody. Przeprowadzono testy zaproponowanego podejścia na trzydziestu zbiorach danych o różnych charakterystykach (dane liczbowe, złożone, mieszane) pozyskanych z dostępnych repozytoriów. Z analizy wyników przeprowadzonych eksperymentów wynika, że zaproponowana metoda RSF działa równie dobrze jak metoda *Random Forest* na danych liczbowych, ale jest jakościowo lepsza w przypadku danych złożonych i mieszanych. Implementacja zaproponowanej metody, jak również środowisko eksperymentalne i wyniki przeprowadzonych eksperymentów są publicznie dostępne w repozytorium GitHub. Na deklarowany przez Habilitanta wkład w publikację [RSF] składa się: pomysłodawca zaproponowanego algorytmu; całościowa implementacja zaproponowanego algorytmu; współodpowiedzialność za przeprowadzenie eksperymentów; współudział w przygotowaniu tekstu publikacji.

W publikacji [DBFE] przedstawiono 3 metody ekstrakcji cech z rozkładów długości wariantów genetycznych. Zaproponowane metody, wykorzystujące podział na przedziały, grupowanie i estymację gęstości jądra, automatycznie przekształcają rozkłady w opisy liczbowe, które można później wykorzystać do uczenia klasyfikatorów. Spośród zaproponowanych metod dwie z nich wymagają podania oczekiwanej liczby cech, natomiast trzecia automatycznie generuje odpowiednią liczbę cech, koncentrując się na najbardziej dyskryminacyjnych. Oszacowano złożoność obliczeniową zaproponowanych metod. Przeprowadzono testy zaproponowanych metod na rzeczywistych zbiorach genomów obejmujących 219 pacjentek z nowotworem

jajnika, 61 z nowotworem płuc i 929 z nowotworem piersi. W przeprowadzonych eksperymentach wykorzystano 4 różne algorytmy klasyfikacji i podejście klastrowe. Z analizy wyników przeprowadzonych eksperymentów wynika, że proponowane podejścia automatyczne identyfikują znaczniki biologiczne związane z podtypami nowotworów i odpowiedzią kliniczną na leczenie onkologiczne. Zaproponowane podejście może być wykorzystane dla innych danych reprezentowanych za pomocą rozkładów. Implementacje zaproponowanych metod, jak również środowisko eksperymentalne i wyniki przeprowadzonych eksperymentów są dostępne publicznie w repozytorium GitHub. Na deklarowany przez Habilitanta wkład w publikację [DBFE] składa się: pomysłodawca zaproponowanej metody i narzędzia; odpowiedzialność za większość implementacji zaproponowanych metod i narzędzi; współodpowiedzialność za przeprowadzenie eksperymentów; współudział w przygotowaniu tekstu publikacji.

Publikacja [Study] stanowi próbę odpowiedzi na pytanie w jakich okolicznościach wykorzystanie grupowania (klasteryzacji) może być przydatne w zadaniu klasyfikacji. Aby odpowiedzieć na powyższe pytanie zaproponowano metodę polegającą na grupowaniu przykładów treningowych, a następnie wytypowaniu reprezentantów grup i wykorzystaniu ich do obliczenia nowych cech jako odległości od tych reprezentantów. Opracowano platformę programistyczną umożliwiającą przeprowadzenie badań porównujących oddziaływanie różnych składowych zaproponowanego podejścia na jakość klasyfikacji. Badania obejmowały analizę reprezentacji grup, algorytmów grupowania, klasyfikatorów i miar odległości, w celu oceny ich wpływu na jakość klasyfikacji. W badaniach uwzględniono również przypadki grupowania globalnego i lokalnego, jak również wpływ czystości grup na jakość klasyfikacji. Przeprowadzono eksperymenty na szesnastu dostępnych zbiorach danych w celu udzielenia odpowiedzi na wszystkie pytania postawione w publikacji [Study] i przedstawiono wnioski z nich wynikające. Implementacja zaproponowanej metody, jak również środowisko eksperymentalne i wyniki przeprowadzonych eksperymentów są dostępne publicznie w repozytorium GitHub. Na deklarowany przez Habilitanta wkład w publikację [Study] składa się: współautorstwo zaproponowanej metody; całościowa implementacja zaproponowanych rozwiązań; przeprowadzenie wszystkich eksperymentów; współudział w analizie i przygotowaniu tekstu publikacji.

Publikacja [SeqPat] stanowi próbę odpowiedzi na pytanie czy jest możliwe znalezienie sekwencji zdarzeń, która z dużym prawdopodobieństwem i w oczekiwany sposób wpłynie na stan zdrowia pacjenta. W tym celu zaproponowano koncepcję wzorców sekwencyjnych zmieniających stan, która łączy informacje o zdarzeniach (na przykład podawanie leków) z informacjami o stanie zdrowia pacjentów (na przykład wyniki badań krwi). Podejście to umożliwia wykrywanie zależności między sekwencjami zdarzeń, a zmianami stanu zdrowia pacjentów. Podano formalną definicję wzorców sekwencyjnych zmieniających stan i zaproponowano metodę ich wykrywania. Skuteczność metody została zweryfikowana za pomocą eksperymentu na zbiorze danych dotyczącym pacjentów z cukrzycą. Zaproponowane podejście może być wykorzystywane również w innych dziedzinach. Na deklarowany przez Habilitanta wkład w publikację [SeqPat] składa się: pomysłodawca zaproponowanej metody;

opracowanie i formalizacja zaproponowanej metody; zaprojektowanie przebiegu eksperymentu i analiza jego wyników; autorstwo większości tekstu publikacji.

W publikacji [PTED] zaproponowano nową miarę odległości między drzewami. Miara ta nazwana częściową odległością edycyjną (*Partial Tree-Edit Distance*, PTED) opisuje stopień zawierania się jednego drzewa w drugim i pozwala określić, ile operacji edycyjnych należy wykonać na jednym drzewie, aby stało się ono poddrzewem drugiego. Zaproponowano algorytm wyliczający tę miarę i oszacowano jego złożoność obliczeniową. Przeprowadzono testy zaproponowanego podejścia zarówno na rzeczywistych jak również syntetycznych zbiorach danych. Z analizy wyników przeprowadzonych eksperymentów wynika, że zastosowanie zaproponowanej miary PTED w klasyfikacji opartej na wzorcach pozwala poprawić jej jakość. Na deklarowany przez Habilitanta wkład w publikację [PTED] składa się: pomysłodawca zaproponowanej metody; opracowanie i formalizacja zaproponowanej metody; całościowa implementacja zaproponowanych rozwiązań; przeprowadzenie wszystkich eksperymentów; współudział w przygotowaniu tekstu publikacji.

W publikacji [Net] przedstawiono metodę automatycznej ekstrakcji wag przykładów z dowolnego typu danych opierając się na założeniu, że istnieje miara podobieństwa (odległości) między przykładami. Zaproponowane podejście obejmuje przekształcenie danych na format sieciowy, ocenę znaczenia węzłów za pomocą miar centralności i włączenie wartości centralności jako wag instancji do algorytmu uczenia maszynowego k najbliższych sąsiadów. Przeprowadzono testy zaproponowanego podejścia na trzydziestu zbiorach danych pozyskanych z dostępnych repozytoriów. Z analizy wyników przeprowadzonych eksperymentów wynika, że zaproponowana metoda z wagami jest lepsza od wersji bez wag jeżeli chodzi o możliwości predykcyjne. Implementacja zaproponowanej metody, jak również środowisko eksperymentalne i wyniki przeprowadzonych eksperymentów są dostępne w Internecie. Na deklarowany przez Habilitanta wkład w publikację [Net] składa się: współpomysłodawca zaproponowanej metody; główna odpowiedzialność za implementację zaproponowanej metody; współodpowiedzialność za przeprowadzenie eksperymentów; współudział w przygotowaniu tekstu publikacji.

Artykuły [Ref], [DBFE] i [Study] zostały opublikowane w czasopismach posiadających wskaźnik *impact factor* (IF, *Web of Science*), których sumaryczny IF wynosi 11,262. Sumaryczna liczba punktów MNiSW dla cyklu publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe wynosi 710. We wszystkich publikacjach przedstawionych jako osiągnięcie naukowe Pan dr Piernik występuje jako pierwszy autor i w żadnej z nich nie jest to kolejność alfabetyczna, co świadczy o tym, że Habilitant odgrywał wiodącą rolę w powstawaniu tych współautorskich artykułów, potwierdzone oświadczeniami współautorów. W dostarczonej dokumentacji wkład Pana dra Piernika i pozostałych współautorów w publikacjach przedstawionych jako osiągnięcie naukowe został opisany merytorycznie (a nie procentowo), zgodnie z następującym zaleceniem Rady Doskonałości Naukowej:

W przypadku prac dwu- lub wieloautorskich zaleca się złożenie oświadczenia przez habilitanta oraz współautorów wskazujące na ich merytoryczny (a NIE procentowy) wkład w powstanie

każdej pracy [np. twórca hipotezy badawczej, pomysłodawca badań, wykonanie specyficznych badań (np. przeprowadzenie konkretnych doświadczeń, opracowanie i zebranie ankiet, itp.), wykonanie analizy wyników, przygotowanie manuskryptu artykułu, i inne]. Określenie wkładu danego autora, w tym habilitanta, powinno być na tyle precyzyjne, aby umożliwić dokładną ocenę jego udziału i roli w powstaniu każdej pracy.

Problematyka publikacji przedstawionych jako osiągnięcie naukowe dotyczy klasyfikacji złożonych typów danych. Celem klasyfikacji jest zbudowanie modelu (klasyfikatora), który potrafi danym wejściowym przypisywać etykiety klas. Klasyfikacja ma zastosowanie w wielu dziedzinach nauki i gałęziach przemysłu, na przykład w medycynie (przewidywanie chorób na podstawie wyników badań), w bankowości (przewidywanie czy klient będzie dobrym kredytobiorcą), w kategoryzacji poczty elektronicznej (wiadomości niepożądane (spam) i pożądane), w przewidywaniu zachowania rynku giełdowego (wzrost i spadek), w rozpoznawaniu obrazów (na przykład twarzy), w prognozowaniu pogody i w wielu innych. Różne zastosowania klasyfikacji wiążą się z koniecznością przetwarzania różnych typów danych (na przykład: dane liczbowe, kategoryczne, obrazy, tekst), które można podzielić na dane proste i złożone. Problem klasyfikacji złożonych typów danych można z kolei podzielić na podejścia oparte o cechy (*feature-based*), o odległości (*distance-based*) i o wzorce (*pattern-based*). Problematyka publikacji przedstawionych jako osiągnięcie naukowe dotyczy wszystkich trzech wymienionych powyżej metod. Publikacje [Study] i [Ref] łączą elementy wszystkich trzech podejść. Artykuł [DBFE] reprezentuje podejście oparte o cechy, a publikacja [SeqPat] o wzorce. Artykuł [RSF] wykorzystuje podejście oparte o odległości z elementami podejścia opartego o cechy. Publikacja [Net] reprezentuje podejście oparte o cechy i odległości, a artykuł [PTED] podejście oparte o wzorce i odległości. Uważam, że tematyka publikacji przedstawionych jako osiągnięcie naukowe jest ważna i aktualna, zarówno od strony teoretycznej, jak również zastosowań praktycznych i lokuje się w dziedzinie nauk inżyniersko-technicznych w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja.

Do najważniejszych wyników w publikacjach przedstawionych jako osiągnięcie naukowe zaliczam:

- W ramach podejścia opartego o cechy: opracowanie oryginalnej metody automatycznej ekstrakcji cech z danych genomicznych i zaproponowanie oryginalnej metody wykorzystującej analizę sieci do poprawy klasyfikacji.
- W ramach podejścia opartego o odległości: zaproponowanie oryginalnego algorytmu RSF (*Random Similarity Forest*), umożliwiającego efektywną klasyfikację niejednorodnych danych i przeprowadzenie kompleksowej analizy wykorzystania grupowania i punktów referencyjnych do ekstrakcji cech.
- W kontekście podejścia opartego o wzorce: opracowanie oryginalnej miary odległości PTED (*Partial Tree-Edit Distance*) dla danych drzewiastych i metody oceny skuteczności sekwencji leczenia.

Zaproponowane metody można praktycznie zastosować w medycynie, zarówno w analizie danych genomicznych, jak również w ocenie skuteczności leczenia. Zaproponowane metody są na tyle ogólne, że można je wykorzystać również w innych dziedzinach, na przykład w analizie złożonych zbiorów danych.

Uważam, że wyniki uzyskane przez Habilitanta w cyklu powiązanych ze sobą tematycznie publikacji naukowych, przedstawionych jako osiągnięcie naukowe są znaczące zarówno z poznawczego, jak również z praktycznego punktu widzenia w obszarze klasyfikacji złożonych typów danych. Zawierają oryginalne rozwiązania wnoszące znaczny wkład do dyscypliny informatyka techniczna i telekomunikacja. Uważam, że przedstawiony jako osiągnięcie naukowe cykl powiązanych ze sobą tematycznie publikacji naukowych spełnia ustawowe wymagania niezbędne do nadania stopnia doktora habilitowanego.

3. Pozostała aktywność naukowa po uzyskaniu stopnia doktora

Na dorobek naukowy Pana dra Piernika, oprócz cyklu publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe, składają się również, między innymi, następujące współautorskie artykuły:

- The impact of white matter brain lesions on processing speed deficits in systemic lupus erythematosus patients / Anna Wójcicka-Frankiewicz, Mikołaj A Pawlak, **Maciej Piernik**, Maria Forycka, Monika Wiłkość-Dębczyńska, Ewa Więsik-Szewczyk, Katarzyna Pawlak-Buś, Piotr Leszczyński, Sławomir Michalak, Aleksandra Wypych, Zbigniew Serafin, Wojciech Kozubski, Alicja Kalinowska-Łyszczarz // Lupus – 2025, vol. 0, iss. 0 [MNiSW 2025: 100 pkt., IF 2025: 1,9]
- Improved response prediction to immune checkpoint inhibition by combining TMB and WGS-based genomic features in NSCLC / Klaudia Pacewicz, Andrzej Kraszewski, Michał Mędzin, Paulina Nawrocka-Muszyńska, Mateusz Sypniewski, Dawid Sielski, Paweł Sztromwasser, Weronika Majer-Burman, **Maciej Piernik**, Alicja Woźna, Paweł Zawadzki // Journal of Clinical Oncology - 2022, vol. 40, no. 16, suppl. [IF 2022: 45,4]
- Integration of whole genome data with machine learning technology in breast cancer subtyping / Weronika Majer-Burman, Klaudia Pacewicz, Maciej Meler, Michał Gniot, Dawid Sielski, **Maciej Piernik**, Paweł Sztromwasser, Alicja Woźna, Paweł Zawadzki // Annals of Oncology - 2022, vol. 33, suppl. 3, s. S130 [IF 2022: 50,5]
- Validation of HER2 Status in Whole Genome Sequencing Data of Breast Cancers with the Ploidy-Corrected Copy Number Approach / Marzena Wojtaszewska, Rafał Stępień, Alicja Woźna, **Maciej Piernik**, Paweł Sztromwasser, Maciej Dąbrowski, Michał Gniot, Sławomir Szymański, Maciej Socha, Piotr Kasprzak, Rafał Matkowski, Paweł Zawadzki // Molecular Diagnosis & Therapy - 2022, vol. 26, no. 1, s. 105-116 [MNiSW 2022: 70 pkt., IF 2022: 4]
- Personalized medicine in advanced breast cancer: AI-driven genomic test for CDK4/6 treatment response prediction / Paweł Zawadzki, Alicja Woźna, Paweł Sztromwasser,

Weronika Majer-Burman, Rafał Stępień, Klaudia Pacewicz, Dawid Sielski, Michał Gniot, Marzena Wojtaszewska, Maciej Dąbrowski, **Maciej Piernik** // *Annals of Oncology* - 2021, vol. 32, supp. 5, s. S925 [IF 2021: 51,769]

Wymienione powyżej publikacje są wynikiem współpracy Pana dra Piernika z instytucjami medycznymi w ramach badań nad różnymi chorobami, między innymi, nad nowotworowymi i autoimmunologicznymi, w których Habilitant pełnił rolę specjalisty od uczenia maszynowego, statystyki i analizy danych, w tym również danych złożonych.

Swoje osiągnięcia naukowe Pan dr Piernik przedstawiał również na następujących konferencjach:

- European Conference on Machine Learning and Principles and Practice of Knowledge Discovery in Databases – ECML/PKDD 2022, *Random Similarity Forests*, 19-26.09.2022, Grenoble, France
- 21st Pacific-Asia Conference, PAKDD 2017, *Partial tree-edit distance: a solution to the default class problem in pattern-based tree classification*, 23-26.05.2017, Jeju, South Korea
- 23rd International Symposium, ISMIS 2017, *Using Network Analysis to Improve Nearest Neighbor Classification of Non-Network Data*, 26-29.06.2017, Warsaw, Poland

W latach 2020-2023 Pan dr Piernik pracował w firmie biotechnologicznej *MNM Diagnostics* zajmującej się diagnostyką nowotworową, w której przeszedł drogę zawodową od stanowiska *Data Scientist*, przez *Head* do *Vice President*. Na stanowisku *Data Scientist* prowadził badania nad konstruowaniem algorytmów i modeli uczenia maszynowego do celów diagnostyki nowotworów z wykorzystaniem danych pochodzących z sekwencjonowania całogenomowego WGS (*Whole Genome Sequencing*). Na stanowisku *Head* zorganizował, kierował i zarządzał zespołem *Data Science* we współpracy z biologami i bioinformatykami. Głównym zadaniem tego zespołu było opracowanie nowych modeli diagnostycznych dla różnych form leczenia nowotworów z wykorzystaniem danych WGS i przygotowanie firmy do budowy modeli diagnostycznych na dużą skalę. Na stanowisku *Vice President* zarządzał i koordynował pracę kilku interdyscyplinarnych zespołów we współpracy z zespołem biologów. Prace te koncentrowały się na identyfikacji celów leczniczych i kwalifikowaniu pacjentów do odpowiedniego leczenia.

Pan dr Piernik współpracował również z Polskim Rejestrem Wrodzonych Wad Rozwojowych (PRWWR), w ramach której był współodpowiedzialny za aplikacje i bazy danych w PRWWR. Współodpowiedzialność ta obejmowała, między innymi, zbieranie wymagań dotyczących nowych systemów i funkcjonalności, rozwój oprogramowania (naprawa błędów, dodawanie nowych funkcjonalności, projektowanie nowych systemów, zarządzanie zespołami odpowiedzialnymi za wdrażanie nowych systemów), zarządzanie i rozwój baz danych, projektowanie oprogramowania i zarządzanie projektami.

Od 2023 roku Pan dr Piernik współpracuje z Uniwersytetem Medycznym w Poznaniu jak również z Politechniką Śląską w Gliwicach w zakresie badań nad chorobami neurodegeneracyjnymi i chorobami zapalnymi jelit.

Pan dr Piernik jedenaście razy był recenzentem artykułów publikowanych w następujących czasopismach: *IEEE Transactions on Cybernetics* (2 razy), *Expert Systems with Applications* (4 razy); *Frontiers of Information Technology & Electronic Engineering* (2 razy), *Future Generation Computer Systems* (1 raz), *Journal of Intelligent Information Systems* (2 razy).

Pan dr Piernik był wykonawcą w następującym grantie MNiSW: NCN OPUS 2015/19/B/ST6/02637 *Przetwarzanie analityczne i eksploracyjne danych sekwencyjnych: modele, algorytmy i struktury danych*.

Pan dr Piernik odbył krótkoterminowe wizyty celu nawiązania współpracy naukowej w Politechnice Śląskiej w Gliwicach i w *Institute of Cancer Research* w Londynie.

Całość dorobku naukowego (aktywności naukowej) Pana dra Piernika oceniam jako istotną i stanowiącą podstawę do nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja.

4. Inne (wybrane) osiągnięcia po uzyskaniu stopnia doktora

Od 2023 roku Pan dr Piernik pracuje również jako *Freelance Data Scientist*. Do zrealizowanych przeze niego w tej roli projektów należą, między innymi: automatyczna ocena ćwiczeń fizjoterapeutycznych na podstawie nagrań wideo, predykcja przychodów, harmonogramowanie zadań produkcyjnych, kilka systemów typu RAG (*Retrieval-Augmented Generation*), automatyczne generowanie macierzy kompetencji z opisu stanowiska w oparciu o LLM (*Large Language Model*), system rekomendacyjny.

Pan dr Piernik jest głównym autorem biblioteki DBFE do automatycznej ekstrakcji cech na podstawie rozkładów wariantów genomowych; autorem platformy do przetwarzania i agregacji danych o ekspresji genów z mikromacierzy DNA; autorem, we współpracy z Uniwersytetem Medycznym w Poznaniu, systemu informatycznego Polskiego Rejestru Wrodzonych Wad Rozwojowych; współautorem aplikacji *Hercoolios* (odpowiedzialny za moduł sztucznej inteligencji do automatycznej oceny wykonywania ćwiczeń fizjoterapeutycznych na podstawie nagrań wideo); współautorem aplikacji *Outcome Skills* (odpowiedzialny za moduł wykorzystujący sztuczną inteligencję do automatycznego generowania macierzy kompetencji); współautorem aplikacji *Twój Chat* (odpowiedzialny za moduł wykorzystujący sztuczną inteligencję do generowania odpowiedzi na pytania zawarte w dokumentach).

5. Działalność dydaktyczna, organizacyjna i popularyzująca naukę

Pan dr Piernik był opiekunem ośmiu prac inżynierskich i dziesięciu magisterskich. Był również recenzentem trzydziestu sześciu prac dyplomowych. Przygotował przedmiot *Internet*

Applications (wykład i laboratorium) na kierunku *Artificial Intelligence* na Wydziale Informatyki i Telekomunikacji Politechniki Poznańskiej.

Pan dr Piernik popularyzował zarówno wyniki swoich badań, jak również swoje podejście do rozwiązywania interdyscyplinarnych problemów na konferencjach i spotkaniach branżowych, na przykład wystąpienie na konferencji TEDxPUT zatytułowane *To moja winna czy też wystąpienie na spotkaniu Pogadanki o AI* zatytułowane *AI w medycynie*.

6. Dane naukometryczne

Dane naukometryczne publikacji Pana dra Piernika przedstawiają się następująco: sumaryczny IF wszystkich publikacji wynosi 165,38, a liczba cytowań i *Indeks Hirscha* według *Google Scholar* wynoszą odpowiednio 172 i 6 (na podstawie dostarczonej dokumentacji). Liczba cytowań i *Indeks Hirscha* według bazy *Scopus* wynoszą odpowiednio 96 i 6, a liczba cytowań i *Indeks Hirscha* bez autocytowań (*Exclude self citations of all authors*) według bazy *Scopus* wynoszą odpowiednio 83 i 4 (dostęp w dniu 16.08.2025). Liczba cytowań i *Indeks Hirscha* według bazy *Web of Science* wynoszą odpowiednio 61 i 4, a liczba cytowań bez autocytowań (*without self-citations*) według bazy *Web of Science* 56 (dostęp w dniu 16.08.2025). Podając dane naukometryczne Habilitanta przytaczam również następujący komentarz Rady Doskonałości Naukowej umieszczony na stronie internetowej (dostęp w dniu 16.08.2025):

Należy jednak podkreślić, że podane we wnioskach o wszczęcie postępowania awansowego dane naukometryczne nie mogą stanowić kryterium oceny dorobku naukowego Kandydata dla podmiotów doktoryzujących, habilitujących oraz samej Rady Doskonałości Naukowej, organów prowadzących postępowania w sprawie nadania stopnia lub tytułu. Zadaniem tych organów jest przede wszystkim ocena ekspercka dorobku naukowego Kandydata ubiegającego się o awans naukowy, zaś decyzja o nadaniu stopnia lub tytułu nie powinna być uzależniona od podania tych danych.

7. Konkluzja

Biorąc pod uwagę przedstawiony jako osiągnięcie naukowe cykl powiązanych ze sobą tematycznie publikacji naukowych, jak również pozostałą aktywność naukową i inne osiągnięcia, uważam, że Pan dr Maciej Piernik spełnia ustawowe wymagania niezbędne do nadania stopnia doktora habilitowanego. W związku z tym wnioskuję o nadanie Panu doktorowi Maciejowi Piernikowi stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja.

Maciek Skomoroski