

Prof. dr hab. inż. Franciszek Seredyński
Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego w Warszawie
Instytut Informatyki
Wydział Matematyczno – Przyrodniczy. SNS
ul. Wóycickiego 1/3, 01-938 Warszawa
f.seredyński@uksw.edu.pl

Warszawa, 28.02.2022



Recenzja
osiągnięcia naukowego dr inż. Tomasza Żoka nt.
Metody obliczeniowe do analizy niekanonicznych struktur kwasów nukleinowych
(na podstawie cyklu 7 publikacji powiązanych tematycznie)
w związku z Jego wystąpieniem o nadanie stopnia naukowego doktora
habilitowanego w dziedzinie nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie
informatyka techniczna i telekomunikacja
oraz
ocena jego dorobku naukowego i organizacyjnego

Niniejsza recenzja została przygotowana w odpowiedzi na pismo Dziekana Wydziału Informatyki Politechniki Poznańskiej Pana prof. dr hab. inż. Andrzeja Jaskiewicza z dn. 14.12.2021 w związku z postępowaniem habilitacyjnym dr inż. Tomasza Żoka.

Habilitant jest zatrudniony na stanowisku adiunkta w Instytucie Informatyki Politechniki Poznańskiej (PP). Tytuł zawodowy inżyniera informatyki uzyskał na PP, Wydział Informatyki i Zarządzania w 2010 r. Tytuł magistra informatyki uzyskał na PP, Wydział Informatyki w 2011 r. Dyplom doktora nauk technicznych w dyscyplinie Informatyka również uzyskał na PP, na Wydziale Informatyki w 2018 r.

1. Opis osiągnięcia naukowego – monotematycznego cyklu publikacji nt.
Metody obliczeniowe do analizy niekanonicznych struktur kwasów nukleinowych

Monotematyczny cykl publikacji składa się z 7 artykułów o łącznej liczbie 87 stron, opublikowanych w latach 2018-2021. Wszystkie artykuły opublikowano w wiodących czasopismach znajdujących się w bazie *JCR (Journal Citation Reports)*. Jeden z artykułów ([A1]) o stosunkowo dużym $IF=6.937$ jest samodzielnym artykułem Habilitanta, a pozostałe 6 to publikacje wieloautorskie. Liczba współautorów publikacji jest w zakresie od 2 do 9. W trzech współautorskich publikacjach Habilitant jest pierwszym autorem. Są to publikacje o również wysokim IF , wynoszącym $IF=1.417$ ([A3]), $IF=3.169$ ([A5]) oraz $IF=11.147$ ([A7]). Przedstawiona dokumentacja zawiera oświadczenia Habilitanta oraz współautorów wskazująca rodzaj ich udziału w tych pracach. Z informacji Habilitanta zawartej w Oświadczeniu oraz oświadczeniach współautorów wynika, że Jego udział w realizacji badań, których wyniki stanowią cykl publikacji był znaczący.

Wskazany przez Habilitanta cykl publikacji obejmuje następujące prace:

- [A1] BioCommons: a robust Java library for RNA structural bioinformatics. **T. Zok**. *Bioinformatics*. 2021. doi:10.1093/bioinformatics/btab069
IF 2020: 6,937, MNiSW / MEiN 2019+: 200
- [A2] RNAuthor – fast, accurate normalization, visualization and statistical analysis of RNA probing data resolved by capillary electrophoresis. J. Gumna, **T. Zok**, K. Figurski, K. Pachulska-Wieczorek, M. Szachniuk. *PLoS One*. 2020. 15(10):e0239287.
doi:10.1371/journal.pone.0239287
IF 2020: 3,240, MNiSW / MEiN 2019+: 100
- [A3] New models and algorithms for RNA pseudoknot order assignment. **T. Zok**, J. Badura, S. Swat, K. Figurski, M. Popenda, M. Antczak. *International Journal of Applied Mathematics and Computer Science*. 2020. 30(2):315–324. doi:10.34768/amcs-2020-0024
IF 2020: 1,417, MNiSW / MEiN 2019+: 100
- [A4] Topology-based classification of tetrads and quadruplex structures. M. Popenda, J. Miskiewicz, J. Sarzynska, **T. Zok**, M. Szachniuk. *Bioinformatics*. 2020. 36(4):1129–1134.
doi:10.1093/bioinformatics/btz738
IF 2020: 6,937, MNiSW / MEiN 2019+: 200
- [A5] ElTetrado: a tool for identification and classification of tetrads and quadruplexes. **T. Zok**, M. Popenda, M. Szachniuk. *BMC Bioinformatics*. 2020. 21(1):40. doi:10.1186/s12859-020-3385-1
IF 2020: 3,169, MNiSW / MEiN 2019+: 100
- [A6] RNA-Puzzles toolkit: a computational resource of RNA 3D structure benchmark datasets, structure manipulation and evaluation tools. M. Magnus, M. Antczak, **T. Zok**, J. Wiedemann, P. Lukasiak, Y. Cao, J.M. Bujnicki, E. Westhof, M. Szachniuk, Z. Miao. *Nucleic Acids Research*. 2020. 48(2):576–588. doi:10.1093/nar/gkz1108
IF 2020: 16,971, MNiSW / MEiN 2019+: 200
- [A7] RNApdbee 2.0: multifunctional tool for RNA structure annotation. **T. Zok**, M. Antczak, M. Zurkowski, M. Popenda, J. Blazewicz, R.W. Adamiak, M. Szachniuk. *Nucleic Acids Research*. 2018. 46(W1):W30–W35. doi:10.1093/nar/gky314
IF 2018: 11,147, MNiSW / MEiN 2019+: 200, MNiSW 2010-2018: 40

2. Ocena osiągnięcia naukowego

Przedłożony cykl publikacji stanowiący osiągnięcie naukowe dotyczy wybranych problemów obliczeniowych interdyscyplinarnej dziedziny jaką jest bioinformatyka, łączącą w sobie biologię i informatykę jak też wykorzystującą narzędzia matematyki. Rozpatrywane problemy obliczeniowe związane są z analizą struktur kwasów nukleinowych, w szczególności tzw. struktur niekanonicznych. Zagadnienia biologiczne przeplatają się tu z zagadnieniami informatycznymi i są one zwykle źródłem problemów, które można rozwiązać skutecznie z użyciem metod informatycznych i matematycznych. Widoczne jest tu też sprzężenie zwrotne: uzyskane rozwiązania matematyczno-informatyczne umożliwiają nowe spojrzenie na zagadnienia

biologiczne i pozwalają na dalszy postęp w zakresie wiedzy biologicznej. Główne zagadnienia związane z powyższą tematyką to motywy kwadrupleksów i pseudowęzłów, metody oparte o trygonometryczną reprezentację strukturalną oraz eksperymenty próbkowania chemicznego RNA.

W swojej ocenie skupię się, przede wszystkim, na aspektach informatycznych cyklu publikacji. Przyglądając się tematyce badawczej przedstawionej w cyklu publikacji można stwierdzić, że widoczne są cztery nurty powiązanych ze sobą logicznie kierunków badań, odzwierciedlających zainteresowania badawcze Habilitanta. Poniżej przedstawiam zwięzłą analizę uzyskanych przez Habilitanta wyników w tych poszczególnych nurtach wraz z odniesieniami do prac tworzących cykl publikacji.

Nurt 1: Analiza kwadrupleksów DNA i RNA.

Głównym celem tego nurtu prac była analiza kwadrupleksów – niekanonicznych, czteroniciowych struktur powstających we fragmentach kwasów nukleinowych bogatych w guaninę. Ten nurt badań w cyklu prac tworzących osiągnięcie naukowe jest reprezentowany przez artykuły [A7], [A5] oraz [A4].

Pierwszym zagadnieniem, na którym skupił się Habilitant była wizualizacja struktury 2D kwadrupleksów. Istniejące aktualnie metody wizualizacji oparte na diagramach w postaci pary symboli zgodnie z notacją Leontisa-Westhofa składają się z dużej liczby symboli, przez co są trudne w interpretacji. W pracy [A7] Habilitant opisał wprowadzone do opracowanego nowego narzędzia wizualizacji *RNApdbee 2.0* alternatywne symbole dla par niekanonicznych, dzięki którym udało się wizualizować kwadrupleksy w sposób bardziej czytelny. Dodatkowo, Habilitant rozszerzył to narzędzie o możliwość analizy niekanonicznych zależności między łańcuchami. Umożliwiło to wizualizację kwadrupleksów 2- i 4-niciowych.

Kolejnym zagadnieniem rozpatrywanym przez Habilitanta i związanym z analizą kwadrupleksów jest ich klasyfikacja w oparciu o strukturę 2D. W pracy [A4] Habilitant zaproponował nową klasyfikację określaną jako ONZ, której nazwa ma związek z kształtami jakie powstają przez prześledzenie interakcji w tetradzie. Klasyfikację ONZ można uogólnić do poziomu kwadrupleksów i rozszerzyć do klasyfikacji ONZM poprzez stworzenie dodatkowej klasy M zawierającej kwadrupleksy z tetradami różnych typów ONZ. Przy opisie kwadrupleksu, do klasy ONZM dodaje się również informację o kierunkach traktów.

Klasyfikacja ONZ dla tetrad i ONZM dla kwadrupleksów to nowatorska metoda opisu tych złożonych struktur czteroniciowych. Jako jedyna uwzględnia informacje o interakcjach niekanonicznych pomiędzy nukleotydami tworzącymi tetradę. Dzięki temu ONZ/ONZM pozwala pogrupować kwadrupleksy wg. podobieństwa w topologii struktury drugorzędowej.

W celu ukazania strukturalnych różnic pomiędzy klasami ONZM, Habilitant opracował nowy sposób zapisu struktury drugorzędowej, który bazuje na notacji kropkowo-nawiasowej (ang. *dot-bracket notation*). Zaproponowany zapis pozwala prześledzić całą informację o strukturze 2D kwadrupleksu. Habilitant zaproponował również dedykowany sposób wizualizacji kwadrupleksów na podstawie zapisu *two-line dot-bracket*, uzyskując w ten sposób spójny diagram, na którym można prześledzić każdą tetradę.

Nowa klasyfikacja, sposób zapisu oraz metoda wizualizacji łukowej zostały zaimplementowane w narzędziu o nazwie *ElTetrado* i opisane w pracy [A5] wraz z opracowanymi algorytmami. Na podstawie współrzędnych 3D znajduwane są tam pary niekanoniczne oraz oddziaływania warstwowe między nukleotydami. W ramach tego narzędzia opracowano szereg algorytmów, w szczególności: służących do stworzeniu instancji skierowanego grafu RNA z etykietowanymi łukami (Algorytm 1), do odnalezienia tetrady (Algorytm 2) w postaci cyklu o długości 4, do stworzenia pełnego, ważonego krawędziowo grafu nazwanego grafem tetrad (Algorytm 3) i wyszukiwanie w nim ścieżki Hamiltona o maksymalnej sumie wag, odpowiadającej kolejności

ułożenia tetrad w kwadrupleksie oraz łączenia par tetrad w kwadrupleksy oraz ich klasyfikacja (Algorytm 4).

W ramach badań nad kwadrupleksami, Habilitant zrealizował system, który wykorzystał do przeanalizowania wszystkich struktur kwasów nukleinowych tworzonych eksperymentalnie. System ten obsługuje również struktury powstałe przy zastosowaniu operatorów symetrii, technik często wykorzystywanych w przypadku kwadrupleksów. Dodatkowo, gromadzone dane są automatycznie aktualizowane w każdym tygodniu i możliwy jest dostęp do zawsze aktualnych statystyk zbiorczych oraz ich wizualizacji.

Nurt 2: Pseudowęzły w strukturach RNA.

Ten nurt badań w cyklu prac tworzących osiągnięcie naukowe jest reprezentowany przez artykuły [A3][A1] oraz [A7]. Prace w ramach tego nurtu dotyczyły zagadnienia przewidywania struktury drugorzędowej RNA z pseudowęzłami, jej wizualizacji i opisanie topologii.

W ramach tego zagadnienia Habilitant zaproponował ilościową miarę złożoności strukturalnej RNA – tzw. rząd pseudowęzła (ang. *pseudoknot order*) i sformułował (praca [A3]) problem POA (ang. *pseudoknot order assignment problem*) oraz zaproponował kilka algorytmicznych podejść do jego rozwiązania. Instancją w problemie POA jest struktura drugorzędowa RNA w postaci zbioru par. W pierwszym kroku kolejne sekwencyjnie pary grupowane są w regiony. Każdy region zapisany jest jako uporządkowana trójka (i, j, n) , gdzie i oraz j to indeksy skrajnej (najbardziej zewnętrznej pary), a n to liczba naturalna określająca ile par tworzy region. Rozwiązaniem problemu POA jest przypisanie każdemu regionowi wartości całkowitej $psorder_0$, w taki sposób, że żadne dwa regiony tworzące pseudowęzeł nie mają takiej samej wartości $psorder$. Rozwiązania oceniane są przy pomocy dwuczęściowej funkcji oceny.

Habilitant zaproponował model problemu POA oparty o nieskierowany, wierzchołkowo ważony graf nazwany grafem konfliktów RNA i pokazał, że rozwiązaniem dopuszczalnym problemu POA będzie każde wierzchołkowe kolorowanie grafu, a rozwiązanie optymalne to takie, które maksymalizuje funkcje oceny.

W pracy [A1] Habilitant przedstawił bibliotekę *BioCommons*, która zawiera implementacje klasycznych podejść do analizy pseudowęzłów, funkcje do przetwarzania danych biologicznych, w szczególności strukturalnych oraz m.in. klasy opisujące strukturę drugorzędową RNA. Odnalezienie pseudowęzłów możliwe jest dzięki implementacji heurystyk *elimination min-gain* i *elimination max-conflicts* oraz algorytmu programowania dynamicznego. Algorytm ten, podobnie jak heurystyki, maksymalizuje jedynie jeden z dwóch komponentów funkcji oceny, więc nie rozwiązuje problemu POA w sposób optymalny. Konsekwencją tego było dalsze rozszerzenie biblioteki poprzez wykorzystanie modelu MILP (ang. *mixed-integer linear programming*), który uwzględnia całościowo funkcję celu. Rozwiązanie oparte o model MILP jest optymalne, co umożliwiło porównanie pozostałych algorytmów pod względem jakości, na podstawie eksperymentów obliczeniowych bazujących na wszystkich znanych strukturach z pseudowęzłami.

Kolejnym zagadnieniem rozpatrywanym przez Habilitanta dotyczącym pseudowęzłów był podział struktury RNA na elementy. Podział ten jest jednoznaczny w przypadku braku pseudowęzłów. Gdy jednak są one obecne, konieczne jest zdefiniowanie, jak będą traktowane przez metodę podziału. W pracy [A7] Habilitant zaproponował rozwiązanie nieintuicyjne, w ramach którego przestrzenny układ nukleotydów w istocie odpowiada zaproponowanemu elementowi strukturalnemu. Rozwiązanie to zostało zaimplementowane w ramach narzędzia *RNApdbee 2.0* przedstawionego dokładniej w pracy [A7] i może ono służyć do generowania danych wejściowych dla narzędzi używanych do przewidywania struktur 3D RNA, dla których szczególnym wyzwaniem są instancje zawierające rozgałęzienia wielostronne.

Nurt 3: Porównywanie struktur w przestrzeni kątów torsyjnych.

W ramach tego nurtu prowadzono badania związane z możliwością porównywania coraz bardziej rosnącej liczby uzyskanych eksperymentalnie struktur kwasów nukleinowych, o których informacje gromadzone są w bazie PDB. Kluczowym elementem wszystkich metod operujących na zbiorach danych, w tym danych bioinformatycznych, jest definicja relacji między ich elementami i miary odległości między nimi, a istniejące aktualnie rozwiązania w tym zakresie mają istotne wady. Habilitant zaproponował nową miarę, która kładzie nacisk nie tylko na podobieństwa lub odległości strukturalne, ale uwzględnia też na inne aspekty. Zaproponowaną miarą jest MCQ (ang. *mean of circular quantities*), którą Habilitant zdefiniował w oparciu o reprezentację trygonometryczną struktur 3D, gdzie do opisu kształtu przestrzennego wykorzystuje się wartości kątów torsyjnych, czyli kątów obrotów wokół wiązań atomowych. Zaproponowana miara pozwala nie tylko na ocenę podobieństwa całości struktury, ale również umożliwia odnalezienie najdłuższych fragmentów o zadanym poziomie podobieństwa.

Możliwość porównywania złożonych, niekanonicznych struktur kwasów nukleinowych wymaga dedykowanych metod analizy w przestrzeni kątów torsyjnych i dlatego Habilitant zaprojektował uogólnione podejście do przetwarzania struktur biomolekuł w reprezentacji trygonometrycznej - zarówno dla białek jak i DNA/RNA.

Zaproponowane rozwiązania zostały zrealizowane w postaci dedykowanych funkcji z biblioteki *BioCommons* i zostały opisane szczegółowo w pracy [A1]. W pracy [A6] Habilitant opisał możliwe zastosowania miar trygonometrycznych do analizy podobieństwa struktur 3D w kontekście konkursu RNA-Puzzles, którego organizatorzy dysponują strukturą referencyjną oraz zestawem nadesłanych modeli. Zrealizowane oprogramowanie pozwala na wyznaczanie różnic kątowych dla pojedynczych nukleotydów z każdego modelu, agregację danych do postaci rankingu modeli, wizualizację przy pomocy diagramów strukturalnych lub map ciepła oraz wyciąganie wniosków na temat ewentualnych problemów oprogramowania modelującego strukturę RNA.

Zaproponowane miary trygonometryczne mogą być używane również bez znajomości struktury referencyjnej. W pracy [A6] Habilitant opisał jak macierz odległości między samymi modelami można wykorzystać do klastrowania skalowania wielowymiarowego, by pokazać wzajemne relacje między różnymi metodami przewidywania struktury 3D RNA.

Nurt 4: Analiza struktury RNA z eksperymentów próbkowania.

W ramach tego nurtu badań Habilitant prowadził badania dotyczące próbkowania chemicznego RNA (ang. *RNA chemical probing*), które pozwala poznać strukturę drugorzędową kwasu rybonukleinowego. Jest to szczególnie ważne dla niekanonicznych struktur, których przewidywania wyłącznie *in silico* mogą okazać się błędne. Istniejące rozwiązania w tym zakresie bazują na normalizacji i kontroli jakości jako kluczowych elementach próbkowania struktury RNA, co jest związane z koniecznością opracowania szczegółowych protokołów eksperymentu, których przestrzeganie jest gwarantem miarodajnych wyników. Habilitant w pracy [A2] przedstawił przyjazną użytkownikowi aplikację webową *RNAthor*, która pozwala na automatyczną lub półautomatyczną normalizację i analizę wyników próbkowania RNA.

Wymagane od użytkownika kroki postępowania w przygotowaniu eksperymentu zgodne są z najczęściej wykorzystywanym protokołem postępowania z danymi z próbkowania RNA, jednak *RNAthor* jako pierwsze narzędzie integruje wszystkie te etapy w sposób przyjazny dla użytkownika. *RNAthor* dodatkowo umożliwia przewidywanie struktury drugorzędowej na podstawie uzyskanej znormalizowanej reaktywności. Uzyskany wynik jest wizualizowany z zachowaniem kolorów zdefiniowanych dla zakresów wartości reaktywności, co umożliwia

końcowa ocenę jakości, gdyż kolory odpowiadające wysokiej reaktywności należy oczekiwać w regionach jednoniciowych przewidzianej struktury RNA.

Najważniejsze wyniki osiągnięcia naukowego, jego podsumowanie i ocena.

W ramach przedstawionego cyklu publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe uzyskano oryginalne wyniki wnoszące istotny wkład w rozwiązanie problemów obliczeniowych związanych z analizą struktur kwasów nukleinowych, w szczególności tzw. struktur niekanonicznych. Do najważniejszych uzyskanych wyników zaliczam:

- Opracowanie koncepcji i realizacja nowych narzędzi (system *RNApdbee 2.0*) wizualizacji struktury 2D kwadrupleksów,
- Opracowanie nowatorskiej metody klasyfikacji kwadrupleksów w oparciu o ich strukturę 2D, pozwalającej grupować kwadrupleksy wg. podobieństwa w topologii struktury drugorzędowej,
- Opracowanie nowego sposobu zapisu struktury drugorzędowej bazującego na notacji kropkowo-nawiasowej wraz z dedykowanym sposobem wizualizacji oraz ich realizacja w ramach systemu *ElTetrado* wraz z towarzyszącymi algorytmami,
- Wykorzystanie narzędzia *ElTetrado* do przeanalizowania wszystkich struktur kwasów nukleinowych tworzonych eksperymentalnie,
- Zaproponowanie nowej ilościowej miary złożoności strukturalnej RNA, tzw. rzędu pseudowęzła,
- sformułowanie kombinatorycznego problemu optymalizacyjnego POA (ang. *pseudoknot order assignment problem*) umożliwiającego odnalezienie pseudowęzłów w strukturze drugorzędowej RNA oraz zaproponowanie oraz implementacja kilku algorytmicznych podejść do jego rozwiązania,
- zaproponowanie nowej miary danych bioinformatycznych zdefiniowanych w oparciu o reprezentację trygonometryczną struktur 3D z wykorzystaniem kątów torsyjnych, opisujących wartości obrotów wokół wiązań atomowych. Zaproponowana miara pozwala dokonać oceny podobieństwa całości struktury, jak też umożliwia odnalezienie najdłuższych fragmentów o zadanym poziomie podobieństwie,
- zaprojektowanie uogólnionego podejścia do przetwarzania struktur biomolekuł w reprezentacji trygonometrycznej - zarówno dla białek jak i DNA/RNA i jego realizacja w postaci dedykowanych funkcji z biblioteki *BioCommons*,
- przedstawienie przyjaznej użytkownikowi aplikacji webowej *RNAthor*, która pozwala na automatyczną lub półautomatyczną normalizację i analizę wyników próbkowania chemicznego RNA.

W moim przekonaniu wyniki badań przedstawionych w ramach cyklu publikacji tworzących osiągnięcie naukowe wnoszą istotny wkład w rozwój bioinformatyki proponując nowe oryginalne rozwiązania problemów obliczeniowych związanych z analizą struktur kwasów nukleinowych.

Podsumowanie parametryczne publikacji przedłożonego osiągnięcia naukowego jest następujące. Liczba artykułów opublikowanych w czasopismach indeksowanych w bazie *JCR* wynosi 7, a ich sumaryczny *IF* wynosi 49.818, co jest wartością bardzo wysoką. Liczba tzw. punktów ministerialnych osiągnięcia jest również wysoka i wynosi 940.

Te wysokie wartości parametryczne cyklu publikacji mają niewątpliwie związek z faktem, że w zdecydowanej większości są to publikacje wieloautorskie. Nie zmniejsza to w żadnym wypadku osiągnięć Habilitanta, które są dobrze zdefiniowane i udokumentowane. Należy tu też podkreślić, że wyzwania naukowe w wielu obszarach współczesnej nauki, w tym w bioinformatyce, wymagają

współpracy wieloosobowych interdyscyplinarnych zespołów naukowych, bez których osiągnięcie znaczących postępów nie jest możliwe.

Dokonując końcowej oceny osiągnięcia naukowego Habilitanta stwierdzam, że ma ono oryginalny, twórczy charakter oraz w moim przekonaniu spełnia z nadmiarem wymagania formułowane przez obowiązującą ustawę w stosunku do osób ubiegających się o nadanie stopnia doktora habilitowanego.

3. Ocena całościowego dorobku naukowego

Aktualny dorobek publikacyjny Habilitanta obejmuje około 80 publikacji, spośród których 19 publikacji to artykuły w czasopismach, 2 artykuły to rozdziały w monografiach i 59 artykułów to artykuły opublikowane w materiałach międzynarodowych bądź krajowych konferencji. Łączny *IF* wynosi 121.297.

Habilitant publikował swoje prace między innymi w takich czasopismach jak

- *Acta Biochimica Polonica*,
- *Bioinformatics*.
- *BMC Bioinformatics*,
- *Central European Journal of Operations Research*,
- *Foundations of Computing and Decision Sciences*,
- *Fundamenta Informaticae*.
- *International Journal of Applied Mathematics and Computer Science*,
- *Journal of Computational Science*,
- *Journal of Grid Computing*,
- *Nucleic Acids Research*,
- *Nuclear Fusion*,
- *Plasma Physics and Controlled Fusion*,
- *PLoS One*,
- *RNA*.

Łączna liczba cytowań Jego publikacji to wg. Web of Science (*WoS*): 495 (*WoS*, bez autocytowań: 415), wg. *Scopus*: 522 (*Scopus*, bez autocytowań: 436) oraz *Google Scholar*: 742. Indeks Hirsha to: wg. *WoS*: 10, wg. *Scopus*: 11 oraz wg. *Google Scholar*: 13.

Habilitant prowadził swoje badania przy współpracy z międzynarodowymi i krajowymi instytucjami oraz uczelniami, a w szczególności była to

- Współpraca w ramach międzynarodowej inicjatywy RNA-Puzzless,
- Współpraca z prof. Thomasem Villmanem z Hochschule Mittweida,
- Współpraca z z naukowcami z CIEMAT, IFCA (Instituto de Fisica de Cantabria), Uniwersytetu w Perugii, Uniwersytetu Technicznego Chalmers w Göteborgu, CEA (Commissariat à l'énergie atomique et aux énergies alternatives), INFN (Istituto Nazionale di Fisica Nucleare), CMCC (Centro Euro-Mediterraneo sui Cambiamenti Climatici), LLNL (Lawrence Livermore National Laboratory) oraz ORNL (Oak Ridge National Laboratory),
- Współpraca z Poznańskim Centrum Superkomputerowo-Sieciowym, Centrum Astronomicznym im. Mikołaja Kopernika PAN oraz Politechniką Gdańską.

Habilitant brał udział w realizacji 4 międzynarodowych projektów badawczych oraz 5 projektów krajowych. Czterokrotnie odbywał wizyty studyjne lub brał udział w warsztatach naukowych organizowanych w Austrii, Hiszpanii oraz Niemczech. Jest On autorem lub współautorem 13 ogólnodostępnych narzędzi, serwerów obliczeniowych i bibliotek z otwartymi źródłami.

Całościowy dorobek naukowy Habilitanta oceniam bardzo wysoko, potwierdzają to bardzo dobre wskaźniki parametryczne. W związku z tym stwierdzam, że ten całościowy dorobek publikacyjny dr inż. Tomasza Żoka mieści się z powodzeniem w dziedzinie nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja.

4. Ocena dorobku organizacyjnego

Habilitant aktywnie uczestniczył w licznych międzynarodowych i krajowych konferencjach naukowych, warsztatach i seminariach, na których prezentował swoje wyniki naukowe. Był zapraszany do Komitetów Programowych bądź Komitetów Organizacyjnych 5 międzynarodowych bądź krajowych konferencji, a sam był również współorganizatorem niektórych z nich. Był recenzentem 24 artykułów nadesłanych do międzynarodowych czasopism z listy *JCR*.

Habilitant trzykrotnie uczestniczył w pracach komisji Konkursu na najlepszą pracę licencjacką lub inżynierską z bioinformatyki organizowaną przez Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne. Współpracował z sektorem gospodarczym w ramach realizowanych międzynarodowych projektów, w których w ramach konsorcjów wchodzili również partnerzy z sektora gospodarczego. Prowadził szkolenia dla biologów i biochemików, był również opiekunem praktyk zawodowych dla uczniów Zespołu Szkół Łączności w Poznaniu.

W dokumentacji brak informacji o działalności dydaktycznej Habilitanta na uczelni.

Przedstawiony wyżej dorobek organizacyjny świadczy o znacznej aktywności zawodowej Habilitanta i jego uznaniu jako wartościowego naukowca przez środowiska naukowe krajowe jak i zagraniczne.

5. Konkluzja

W perspektywie całościowej oceniam dorobek dr inż. Tomasza Żoka jako bardzo wartościowy zarówno pod względem poznawczym jak też aplikacyjnym. Dokonania przedstawione w osiągnięciu naukowym składają się na oryginalny i twórczy wkład w obszarze bioinformatyki, a w szczególności mające istotne znaczenie ze względu na zaproponowane rozwiązania problemów obliczeniowych związanych z analizą struktur kwasów nukleinowych, w szczególności tzw. struktur niekanonicznych. Mają one duże znaczenie dla dalszego rozwoju tej problematyki, zarówno w aspekcie teoretycznym jak i praktycznym. Jego działalność naukowo-badawcza oraz organizacyjna w sferze nauki potwierdza wysokie predyspozycje badawcze Habilitanta.

W konkluzji stwierdzam, że przedłożone osiągnięcie naukowe oraz całokształt dorobku naukowego i organizacyjnego dr inż. Tomasza Żoka spełniają wymogi aktualnie obowiązującej Ustawy - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, do nadania mu stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja.

