



Prof. zw. dr hab. Wiesław Nowak

Toruń, 14.02.2022 r.

Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej

Uniwersytet M. Kopernika w Toruniu

87-100 Toruń

ul. Grudziądzka 5

(wiesiek@fizyka.umk.pl)

+48.56.611.32.04

**Recenzja osiągnięcia naukowego (zbiór publikacji w postępowaniu habilitacyjnym)
dr inż. Tomasza Żoka**

pt.

***„Metody obliczeniowe do analizy niekanonicznych struktur kwasów nukleinowych”
oraz ocena istotnej aktywności naukowej habilitanta***

Habilitant, p. dr inż. Tomasz Żok, rozpoczynając swoje badania w tematyce kwasów nukleinowych nie przypuszczał, że w ostatnim roku pojęcie to stało się znane niemal każdej osobie żyjącej w cywilizowanych rejonach Ziemi. Jedną z podstawowych broni przeciwko pandemii wirusów SARS są szczepionki oparte na mRNA. Uwaga ta moim zdaniem wystarczy w zupełności by potwierdzić duże znaczenie społeczne i poznawcze obiektów badań dr T. Żoka. Pod pojęciem kwasów nukleinowych kryją się biopolimery o bardzo ciekawej strukturze: są to molekuly na ogół długie, bez wielu rozgałęzień, zbudowane z powtarzających się elementarnych klocków – nukleotydów. Ich liczba jest ograniczona i wynosi 5 (A, T, G, C, U). Oczywiście są one czasami modyfikowane (np. poprzez metylację), ale zasadniczo tylko tak skromny zbiór literek analizuje się w świecie DNA/RNA. Bogactwo form żywych, nasza inteligencja, zdolność do adaptacji wynika z kombinatoryki: mimo, że tych podstawowych nośników informacji genetycznej mamy tak niewiele, to jednak bogactwo sekwencji, np. przy łańcuchu złożonym z 1000 liter jest niewyobrażalne (choć policzalne) i łatwo przekracza liczbę „google” (10^{100}).

Pan dr Tomasz Żok poświęcił wiele trudu by stworzyć nowe narzędzia informatyczne do badania bogatego uniwersum kwasów nukleinowych. Musiał analizować nie tylko sekwencje (przestrzeń 1-D), wzajemne kontakty (2-D) ale i konformacje przestrzenne (3-D). Każdy z tych aspektów biopolimerów na swoje znaczenie w biologii i nie może być pominięty. Kwasy nukleinowe mogą być „spokrewnione” – dotyczy to np. genów kodujących te same funkcjonalnie białka ale obecnych w różnych organizmach, czy różnych osobnikach. Poznanie podobieństw i różnic jest jednym z głównych celów genetyki i genomiki funkcjonalnej. Badania prowadzone przez habilitanta mają też podstawowe znaczenie dla genetyki klinicznej i zapewne dla przyszłej profilaktyki chorób. Związek nie jest bezpośredni, ale dla mnie oczywisty: lepsze narzędzia bioinformatyczne = lepsze rozumienie i leczenie chorób genetycznych. Narzędzia w tym przypadku to są zakodowane odpowiednie algorytmy. Znacząca część wkładu habilitanta do informatyki to właśnie programowanie i tworzenie działających systemów obliczeniowych wspierających badania m.in. kwasów nukleinowych.

Habilitant w cyklu publikacji (A2-A7), głównie wieloautorskich – praca A1 jednoautorska, zaprezentował kilka oryginalnych narzędzi wnoszących wkład do bioinformatyki i cykl ten przedstawia jako swoje osiągnięcie habilitacyjne pt. *“Metody obliczeniowe do analizy niekanonicznych struktur kwasów nukleinowych”*. Postępowanie habilitacyjne w dziedzinie nauk inżyniersko-technicznych, dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja wszczęto w dniu 31.08.2021. Prowadzone jest ono przez Radę Dyscypliny Informatyka Techniczna i Telekomunikacja Politechniki Poznańskiej (uchwała Nr 2021-05-06 z dnia 14 grudnia 2021 r. o powołaniu komisji habilitacyjnej). Rada ta ma odpowiednie uprawnienia do nadawania stopnia doktora habilitowanego.

Dr Tomasz Żok uzyskał tytuł zawodowy magistra inżyniera informatyki w roku 2011 na Wydziale Informatyki PP, tematem pracy magisterskiej było porównywanie struktur cząsteczek w przestrzeni kątów torsyjnych. Stopień doktora nauk technicznych w dyscyplinie informatyka uzyskał w 2018 roku na tymże Wydziale (tytuł rozprawy: *“Algorithmic Aspects of RNA Structure Similarity Analysis”*; promotor: prof. dr hab. inż. Marta Szachniuk; promotor pomocniczy: dr Mariusz Popena. Praca doktorska zdobyła wyróżnienie Rady Wydziału w roku 2019.

Habilitant ma dość bogate doświadczenie zawodowe, był zatrudniony jako referent ds. informatyki w II PP w okresie 03.2010 do 06.2011r, potem pracował jako analityk systemów komputerowych w PCSS w okresie 08.2011 do 02.2013. W latach 2013-2016 był asystentem naukowym w II PP. Od lutego 2017 pracuje jako starszy analityk systemów komputerowych w PCSS a od listopada 2018 r jest zatrudniony jako adiunkt w Inst. Informatyki Politechniki Poznańskiej. W przedstawionej mi dokumentacji nie znalazłem informacji o odbytym stażu podoktorskim. Wiem, że odbył kilka krótkich wizyt naukowych (Austria, Niemcy, Hiszpania), najdłuższa trwała 2 tygodnie.

W ramach nowej Ustawy 2.0 jednym z ważniejszych kryteriów uzyskania stopnia naukowego doktora habilitowanego jest spełnienie warunku sformułowanego w Art. 219. 1, pkt (3) tj. sprawdzenie, że kandydat „wykazuje się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej”. Jeśli chodzi o instytucje zagraniczne, to owszem, dr T. Żok ma b. dobrze rozwiniętą współpracę międzynarodową i liczne wspólne publikacji z autorami zagranicznymi, jednak nie realizował on moim zdaniem długoterminowej „aktywności naukowej” będąc na stażu w zagranicznym ośrodku naukowym. Prowadził i prowadzi wieloletnią współpracę z zespołem RNA-Puzzels ale to było realizowane na macierzystej uczelni. Jestem jednak skłonny przychylić się do opinii, że wieloletnia praca w PCSS miała charakter naukowy (są publikacje informatyczne z tego okresu: 2 rozdziały w monografiach naukowych; 5 publikacji w recenzowanych czasopismach (sumaryczny IF: 11.212), 7 publikowanych materiałów konferencyjnych), zaś PCSS ma charakter nie tylko usługowy, a jest również w pewnym sensie „jednostką naukową”, zwłaszcza w dyscyplinie informatyka techniczna. Dłuższy staż naukowy młodemu doktorowi by się jednak przydał i tylko wzmocnił Jego samodzielność.

Tematyka przedstawionych mi do oceny 7 publikacji (A1-A7) grupuje się w cztery problemy badawcze:

- (i) analiza kwadrupleksów – A4, A5, A7;
- (ii) analiza RNA z pseudowęzłami– A1, A3, A7;
- (iii) zagadnienia strukturalne przy wykorzystaniu przestrzeni kątów torsyjnych – A1, A6;
- (iv) wsparcie interpretacji wyników analiz strukturalnych RNA wykonywanych metodami SHAPE oraz DMS - A2.

Spójność tematyczna wymagana dla osiągnięć habilitacyjnych nie budzi zastrzeżeń.

Łącznie prace cyklu, opublikowane były latach 2018-21, poza jedną (A1) są to prace wieloautorskie (3-9 autorów, łącznie 18 współpracowników).

Wszystkie publikacje są w czasopismach z listy JCR (lista A MNiSZW), ukazały się one w większości w czasopismach dobrych (IF ok. 2), albo bardzo dobrych (IF ok. 18). Łączny IF czasopism z cyklu wynosi 50. Jest to znakomity wynik, raczej nie spotykany w informatyce technicznej. Wkład habilitanta jest dobrze określony i w wielu przypadkach dominujący. Oświadczenia współautorów są kompletne i nie budzą wątpliwości.

Omówię krótko kolejne publikacje, a po tym sformułuję **ocenę osiągnięcia naukowego** i wkładu habilitanta do dziedziny, a następnie dokonam oceny **istotnej aktywności naukowej** kandydata do stopnia naukowego.

[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

Jest to stosunkowo krótka publikacja przedstawiająca główne założenia i możliwości biblioteki nazwanej BioCommons służącej do analiz struktur RNA. Są ogólnodostępne biblioteki nakierowane na analizy białek, ale tak obszerne narzędzie do analiz RNA powstało dzięki wieloletniej pracy p. dr T. Żoka. Biblioteka zawiera kilkaset klas/metod o różnym stopniu komplikacji. Wg mnie jest to praktyczny wkład do bioinformatyki, z racji stałej popularności Javy narzędzia te będą wykorzystywane nie tylko lokalnie. Publikacja ukazała się kilka lat po doktoracie p. T. Żoka, programy powstawały zapewne wcześniej w toku wielu różnorodnych projektów i częściowo obejmują (antycypuję) dorobek „doktorski”, jednak w obecnym stanie prawnym nie dyskwalifikuje to tej pracy jako części osiągnięcia habilitacyjnego. Udział habilitanta jest 100%.

[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

W tej publikacji widać wyraźnie jak wielkie znaczenie ma praca w zespołach interdyscyplinarnych. Grupa informatyków, przy wydatnym udziale dr T. Żoka, pomogła grupie biochemików stworzyć narzędzie ułatwiające badania strukturalne RNA. Popularne, ale trudne podejścia eksperymentalne, m.in. rozważane tutaj metody enzymatyczne SHAPE (*Selective 20-Hydroxyl Acylation analyzed by Primer Extension*) oraz DMS (*DiMethyl Sulfate mapping*), polegają na wprowadzaniu modyfikacji do nukleotydów RNA, przepisywaniu sekwencji na DNA oraz analizie powstałych fragmentów DNA i wnioskowaniu na ich podstawie gdzie zaszły modyfikacje chemiczne RNA. Stąd można wyciągać z tych eksperymentów (próbki) wnioski o strukturze przestrzennej (budowie) RNA, oczywiście w pewnym ograniczonym zakresie. Ważnym etapem analizy DNA jest często tzw. elektroforeza kapilarna (CE) wynaleziona w 1981 roku przez J.W. Jorgensona i Krynna Lukacs. Pojawiają się w niej skomplikowane zapisy nazwijmy je „elektroforegramy” wymagające obróbki numerycznej. Istnieją pewne narzędzia do analiz CE (ShapeFinder, QuShape) jednak RNAtor stanowi system znacznie lepiej wspomagający doświadczalników w ich badaniach struktur RNA. Opracowany program nie tylko rozwiązuje problem normalizacji tych danych, ale pozwala zautomatyzować procedurę wyszukiwania tzw. „outliers” czyli odczytów, które powinny być odrzucone przed dalszą analizą.

W moim odczuciu publikacja **A2** zawiera spory ładunek nowości metodologicznych, rola habilitanta polegająca na dodaniu obsługi nowego formatu QuShape, możliwości przewidywania struktury 2D RNA, wprowadzenia wizualizacji struktury 2D RNA z zaznaczeniem poziomu reaktywności odpowiednich fragmentów nie była tutaj czysto techniczna czy usługowa. Publikacja ta jest stosunkowo nowa i dopiero zdobywa cytowania obce, jednak, z racji dość dużego zainteresowania badaniami RNA z udziałem CE, te wskaźniki z pewnością będą rosły. Wkład habilitanta do nauki o kwasach nukleinowych jest tutaj dla mnie oczywisty, do samej informatyki technicznej może już mniej wyraźny, w każdym razie zbudowanie użytecznej i działającej aplikacji jest to na pewno osiągnięcie techniczne.

[A3] New models and algorithms for RNA pseudoknot order assignment. T. Żok, 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

Z kolei wyszukiwanie, klasyfikacja i opis pseudowęzłów (*pseudoknots*) w RNA to jest zadanie wybitnie informatyczne. W RNA o pseudowęzłach się mówi gdy dwa rozdzielone przestrzennie (np. częścią helikalną) fragmenty tego samego łańcucha tworzą oddziaływanie parami zasad. Klasyfikacja topologiczna typów tych obiektów nie jest prostym zadaniem i nie jest łatwo znaleźć algorytmy wyszukujące pseudowęzły i obliczające np. ich rzędy (*POA - Pseudoknot Order Assignment*). W publikacji **A3** autorzy proponują wykorzystanie metody podobnej do stosowanej do kolorowania grafów, po to by określić rząd danego pseudowęzła i nazywają ją MIS (*maximum independent set-based algorithm*). Drugi algorytm stosuje odmienną filozofię i nazwany jest modelem MILP (*mixed-integer linear programming-based*

model). W podanych przykładach wykazano, że nowe heurystyki (zwłaszcza MILP) działają lepiej niż wcześniej znane metody. Głównym pomysłodawcą tych metod, jak wynika z autoreferatu, był p. dr T. Żok.

Publikacja jest wg mnie napisana ładnie, widać pewną dyskusję złożoności obliczeniowej proponowanych metod (niestety nie jest ona optymistyczna bo NP. hard albo wykładnicza) oraz troskę by dostarczyć społeczności działające metody dobrze określającej POA. Z przeprowadzonej dyskusji wynika, że czas działania proponowanych algorytmów i ich skuteczność w odniesieniu do nawet bardzo dużych znanych obecnie RNA są akceptowalne. Wg mnie praktyczne rozwiązanie problemu opisu budowy RNA w zakresie rzędów pseudowęzłów jest poważnym osiągnięciem habilitanta i stanowi zauważalny wkład do bioinformatyki strukturalnej.

[A4] Topology-based classification of tetrads and quadruplex structures. M. Popena, J. Miskiewicz, J. Sarzynska, **T. Żok**, M. Szachniuk. *Bioinformatics*. 2020. 36(4):1129–1134.
doi:10.1093/bioinformatics/btz738
IF 2020: 6,937, MNiSW / MEiN 2019+: 200

Ten, kto dość dawno temu chodził do szkoły myśli, że DNA występuje co najwyżej w formie podwójnych helis. W organizmach żywych jest jednak bardzo wiele struktur zwanych kwadrupleksami czy tetradami, które są intensywnie badane w ostatnich latach. Ich rola jest ważna np. w telomerach. W pracy **A4** autorzy podejmują próbę wprowadzenia nowej klasyfikacji tych struktur, a nowość polega na uwzględnieniu w analizie tzw. struktur niekanonicznych. Celowość prowadzenia tego typu badania jest oczywista. Publikacja ukazała się w renomowanym czasopiśmie bioinformatycznym „*Bioinformatics*”. Strukturę drugorzędową tetrad i kwadrupleksów autorzy kodują w postaci zwykle notacji krokowo-nawiasowej, ale stosują dwie skorelowane linie takich symboli. Różne tetrazy reprezentują na grafach cyklicznych i klasyfikują elementy tych grafów w symbolice ONZ (*O-shaped*), *a bow tie N-shaped*, or *an hourglass Z-shaped*). Reprezentacje te dla konkretnych licznych przykładów z bazy PDB generowane były przy pomocy serwera RNApdbee, też utworzonego dzięki, m.in., staraniom dr T. Żoka. Miejsca zawierające tetrazy czy kwadrupleksy w „ściągniętych” z PDB strukturach RNA wykryto dzięki innemu narzędziu ElTetrado, opracowanemu przez habilitanta. Dodanie odpowiednich łuków do diagramów pozwoliło zobrazować różnice w topologiach i zaproponować nową, pełniejszą klasyfikację tych topologii. Czy podany schemat przyjmie się szerzej w badaniach strukturalnych RNA - czas pokaże. Nie mam jednak wątpliwości, że zaproponowanie nowego, ogólniejszego schematu klasyfikacji ważnych struktur w RNA ma istotne znaczenie dla rozwoju bioinformatyki.

[A5] EITetrado: 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

Jak wspomniałem, tetrazy i kwadrupleksy są ważne i dopiero od niedawna są intensywniej badane strukturalnie. By zgłębić ich rolę biologiczną trzeba klasyfikować napotymane przypadki. Można to robić przy pomocy nomenklatury ONZ promowanej przez ośrodek poznański. By analizy były skuteczne, konieczna jest automatyczna metoda wykrywania i klasyfikowania tych ciekawych struktur. Narzędzie takie opisano w publikacji A5, a habilitant jest jego głównym autorem. Analizując zawartość bazy PDB z roku 2019 autorzy odkryli przy pomocy EITetrado 1445 tetrad i 452 kwadrupleksów. Okazało się, że większość znanych tetrad należy to klasy O, w nomenklaturze ONZ. Algorytmy (1-3) prezentowane w tej publikacji wydają się proste, jednak ich opracowanie wymagało bardzo starannego, bym powiedział analitycznego, rozpoznania struktur RNA (tj. klasyfikowanych obiektów) i bardzo dobrej znajomości już istniejących bibliotek do analizy strukturalnej kwasów nukleinowych. Narzędzie to jest nowe i jeszcze niezbyt szeroko stosowane.

[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

Moim zdaniem, w analizowanym osiągnięciu habilitacyjnym praca A6 ma największe znaczenie praktyczne. Jest to dzieło wieloautorskie (10), ale ze znacznym wkładem dr T. Zoka. Autorzy prezentują niezwykle potrzebny zestaw programów narzędziowych nazwany RNA-Puzzles toolkit. Zagadnienie związane jest z wyczekiwaniem od dawna poszukiwaniem metody komputerowej realizacji foldingu RNA z pierwszych zasad. Byłoby świetnie mieć narzędzie informatyczne pozwalające przewidzieć prawdopodobną strukturę RNA z sekwencji zasad. Różne grupy próbują stworzyć taki algorytm i ich wysiłki można oceniać w niedawno zainicjowanym konkursie RNA_Puzzles, powołanym do życia z inspiracji nader owocnego (AlphaFold) konkursu CASP realizowanego dla zwijania białek. Skuteczna ocena sukcesów czy porażek modelowania wymaga jednak obiektywnych miar realizowanych algorytmicznie. Omawiana publikacja prezentuje zestaw narzędzi potrzebnych do właściwej realizacji konkursów na zwijanie struktur RNA, czy ogólnie na porównywanie modeli RNA. Zaprojektowanie, zaprogramowanie, zebranie i przetestowanie tych narzędzi nie było łatwe, pracował nad tym zespół międzynarodowy, zaś habilitant, jak wynika z autoreferatu, wniósł od projektu istotny wkład, w szczególności w zakresie wprowadzania nowych metryk porównawczych opartych o kąty torsyjne (**MCQ4Structures**). Praca A6, chociaż obszerna, napisana jest jasno i na pewno znajdą się liczni użytkownicy tego narzędzia, a raczej zestawu narzędzi (dostępne w domenie publicznej).

[A7] RNApdbee 2.0: multifunctional tool for RNA structure annotation. T. Żok, M. Antczak, M. Zurkowski, M. Popena, 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

Publikacja A7 powstała w dużej mierze dzięki inicjatywie i pracy habilitanta. Rozbudowano znacznie istniejący od ponad 10 lat w ośrodku poznańskim serwer służący do automatycznego opisu (anotacji) struktur RNA. Potrzeba rozbudowania i unowocześnienia RNApdbee 1.0 wynikała z rozwoju nauki – wzrosła rola analiz pseudowęzłów, kwadrupleksów, tetrad zawierających struktury niekanonicznych par zasad, pojawiły się nowe formaty danych, itd. Ważnym wkładem dr T. Żoka było zaproponowanie nowego schematu podziału RNA na elementy, zwłaszcza dla sytuacji z pseudowęzłami. Na pozytywną ocenę zasługuje tu znów wkład metodyczno-algorytmiczny oraz praca czysto programistyczna. O znaczeniu i użyteczności tego zestawu narzędziowego może świadczyć to, że spośród ponad 50 cytowań A7 znalazłem prace proponującą wykorzystanie aptamerów do walki z wirusem SARS-CoV-2.

Ocena osiągnięcia naukowego

Uważam, że przedstawiony mi do oceny cykl prac A1-A7 stanowi wkład do bioinformatyki, a tym samym do informatyki, który mogę nazwać istotnym. Przedmiotem badań są struktury kwasów nukleinowych, głównie RNA. Te biopolimery odpowiadają za przetwarzanie informacji genetycznej w przyrodzie. Habilitant w krótkim czasie stworzył szereg algorytmów i narzędzi programistycznych ułatwiających analizy DNA/RNA, są to narzędzia często unikatowe w skali światowej. Wykazał się znakomitą umiejętnością współpracy w zespołach interdyscyplinarnych. Wniósł poważny wkład w realizację szeregu projektów naukowych, w tym międzynarodowych. Zajmował się różnorodnymi problemami obliczeniowymi. W mojej ocenie, mimo wybitnie krótkiego czasu od obrony doktoratu (3 lata) pan dr T. Żok osiągnął samodzielność naukową, a Jego osiągnięcie habilitacyjne spełnia w dostatecznym stopniu oczekiwania od kandydata do stopnia naukowego doktora habilitowanego.

Ocena istotnej aktywności naukowej habilitanta

Lista pozostałych dokonań naukowych habilitanta obejmuje jeszcze 19 innych pozycji głównie z listy JCR . Tylko prac powstało po uzyskaniu stopnia doktora, wynika to zapewne z krótkiego okresu jaki upłynął od 2018 r. Jednak 7+7=14 publikacji na 3 lata daje b. dobrą średnią ok. 5 prac na rok. Spośród publikacji po doktoracie zauważyłem kolejną publikację w wysoko punktowanym czasopiśmie NAR pt. „ *Entanglements of structure elements revealed in RNA 3D models.*” będącą w dużym stopniu rozwinięciem tematyki habilitacyjnej”. Dwie inne pozycje opisują kolejne narzędzia informatyczne służące do analiz kwasów nukleinowych („*RNAvista: a webserver to assess RNA secondary structures with non-canonical base pairs*”, w Bioinformatics oraz „*RNAfitme: a webserver for modeling nucleobase and nucleoside residue conformation in fixedbackbone RNA structures*” w BMC

Bioinformatics). Jeszcze inna praca to zbiorowe sprawozdania z wyników konkursu RNA-Puzzles Round IV. Trzeba jednak odnotować, że działania naukowe dr T. Żoka nie ograniczają się do zagadnień modelowania RNA. Wysoko oceniam zaangażowanie habilitanta w międzynarodowe projekty związane z modelowaniem plazmy wysokotemperaturowej z tokomaków – maszyn służących do opanowania kontrolowanej syntezy termojądrowej. Tutaj pojawiała się praca czysto informatyczne („*INDIGO-DataCloud: a platform to facilitate seamless access to e-infrastructures*” w *Journal of Grid Computing*. 2018.100 pkt MNiSzW, „*Progress in the transferability of fusion workflows across HPC systems*”), o zapewnieniu dobrego dostępu do zasobów obliczeniowych dla wymagających projektów naukowych. Rozwiązane zostały praktyczne problemy ze współbieżności i przetwarzania HPC. Z 12 prac opublikowanych przed doktoratem też około 5 dotyczy tematyki skupionej na efektywnym przetwarzaniu danych, innej niż RNA. W oparciu o posiadaną dokumentację nie mogę ocenić osobistego wkładu habilitanta w te prace, jednak bardzo pozytywnie oceniam zaangażowanie się w projekty informatyczne o dużym znaczeniu dla fizyki i w ogólności dla nauki, a nie skoncentrowane wyłącznie na bioinformatyce. Tutaj rola habilitanta była zapewne nieco „usługowa” jednak uważam, że te działania dały bardzo cenne szersze spojrzenie, niezwykle potrzebne dla samodzielnego pracownika naukowego.

Pewien niedosyt budzi wykaz prac przyjętych na uznane konferencje informatyczne, ważne kryterium oceny w tej dyscyplinie. Oczywiście doceniam zaangażowanie p. dr T. Żoka w liczne edycje konferencji międzynarodowych z cyklu BIT, jednak wystąpień w czołowych światowych cyklach konferencyjnych nie zauważyłem. Ogólną aktywność konferencyjną kandydata oceniam b. wysoko, miał on łącznie 59 prezentacji, w tym 19 po doktoracie, (postery, referaty, komunikaty; szereg za granicą), co jak na ten wiek jest liczbą rzadko spotykaną. Na pewno jest doświadczonym i dobrym referentem, o czym miałem okazję przekonać się osobiście na konferencjach PTBI czy seminariach naukowych.

Unikamy obecnie ocen bibliometrycznych przy działaniach awansowych, jednak wskaźniki podane przez dr inż. T. Żoka w autoreferacie (IF, cykl habilitacyjny: 49,8; po doktoracie, ale spoza cyklu: 35,8; przed doktoratem: 35,7; IF łącznie: 121,3 liczba cytowań obcych WoS – 415, Scopus, 436, GS 742) są znakomite, zważywszy na wczesną fazę kariery naukowej. Wyniki mierzone tak dyskutowanymi punktami MNiSZW/MEIN są też znakomite (punktacja 2019+, cykl habilitacyjny: 1100; po doktoracie, ale spoza cyklu: 860, przed doktoratem: 1370, razem: 3330)

Bardzo dobrze wygląda aktywność w zakresie osiągnięć technicznych i wdrożeń. Dr inż. T. Żok napisał (czy przyczynił się do powstania) wiele użytecznych narzędzi, serwerów dedykowanych konkretnym obliczeniom, baz danych (13) i wszystkie zostały wdrożone, zaś niektóre cieszą się niesłabnącym powodzeniem wśród międzynarodowej społeczności badaczy. Z punktu widzenia wielu ludzi nauki działalność programistyczna bywa niekiedy oceniana nisko, na poziomie „rzemiosła”, jednak bez niej postęp wielu krytycznych dziedzin wiedzy byłby niemożliwy lub powolny (biologia, medycyna, fizyka, chemia). Ja osobiście uważam, że tak zaawansowane problemy jakie w wielu przypadkach atakują kody przygotowane przez dr T. Żoka wymagają dużego wysiłku intelektualnego, wyobraźni,

intuicji, nowatorstwa i rzetelnych kompetencji technicznych połączonych z nieustannym śledzeniem nowych trendów i informatyce. Obszar działania habilitanta jest miejscem rywalizacji wielu grup światowych, nie jest to wbrew pozorom „bezpieczna nisza” i kto nie pędzi do przodu w tej branży ten znika.

Bardzo korzystnie prezentuje się aktywność habilitanta w dziedzinie wykonywania projektów naukowych/aplikacyjnych i kierowania nimi. Był wykonawcą w 8 projektach, zaś 1 raz kierownikiem projektu. W latach 2014-2020 był wykonawcą w trzech projektach europejskich H2020, i jednym projekcie europejskim „gridowym” stricte związanych z informatyką. Kierował własnym grantem Preludium, uczestniczył jako kierownik zadania w projekcie NCN OPUS.

Dobrze oceniam dużą aktywność habilitanta jako recenzenta publikacji (24) w czołowych czasopismach fachowych.

Reasumując ocenę istotnej aktywności naukowej dr. inż. Tomasza Żoka stwierdzam, że jest ona dobra, a w aspekcie tworzenia i wdrażania nowych narzędzi informatycznych bardzo dobra.

Nagrody i wyróżnienia

Lista nagród i wyróżnień zdobytych przez Tomasza Żoka, obejmuje 11 pozycji, głównie nagród krajowych. Największą rangę ma niewątpliwie Stypendium Ministra dla Najlepszych Młodych Naukowców (2011), są nagrody za publikacje naukowe, wyróżnienie miasta Poznania za pracę doktorską. Widać, że wysiłki i osiągnięcia habilitanta były zauważane i to na forum szerszym niż Politechnika Poznańska.

Osiągnięcia dydaktyczne, popularyzacyjne, opieka naukowa

W tym punkcie nie mam żadnych zastrzeżeń do aktywności dydaktycznej habilitanta. Prowadził On szereg „klasycznych” zajęć informatycznych oraz specjalistycznych z bioinformatyki [Bioinformatyka strukturalna (laboratoria) na kierunku Bioinformatyka od 2011., Computer Architecture with Low-Level Programming (wykład i laboratoria) na kierunku Artificial Intelligence od 2019, Aplikacje w chmurze (laboratoria) na specjalności Gry i Technologie Internetowe, Metody statystyczne w bioinformatyce strukturalnej (wykład i laboratoria), Wizualizacja strukturalna (wykład i laboratoria); Wprowadzenie do informatyki (laboratoria), Algorytmy i struktury danych (laboratoria)] . Część kursów opracował samodzielnie. Był recenzentem i opiekunem prac dyplomowych studentów informatyki.

Aktywność popularyzująca naukę, na tle innych znanych mi przypadków, była umiarkowana, ale nie szczątkowa: Pan dr T. Żok, np., ukończył specjalny kurs popularyzatorów nauki, pracował z młodzieżą przy wielu okazjach, opiekował się kołem naukowym studenckim, uczestniczył w hackatonach itp.

Habilitant jest aktywnym członkiem wielu towarzystw naukowych (PTBI, G4 Society , European Chapter on Combinatorial Optimization, RNA Society , EURO Working Group on Operations Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine) brał udział w pracach komitetów organizacyjnych kilku konferencji naukowych, w tym międzynarodowych.

Konkluzja

Biorąc pod uwagę wszystkie elementy dorobku dr inż. Tomasza Żoka, w tym oryginalną część osiągnięcia habilitacyjnego jakim jest cykl publikacji, uważam, że spełnione są wymagania ustawowe i zwyczajowe uzasadniające nadanie dr inż. Tomaszowi Żokowi stopnia doktora habilitowanego nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja, zatem wnoszę do Rady Dyscypliny Informatyka Techniczna i Telekomunikacja Politechniki Poznańskiej o nadanie tego stopnia.

W. Nowak