

# WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH

DR ANDRZEJ ZIELEZIŃSKI  
ZAŁĄCZNIK 4

ZAŁĄCZNIK 4. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH ALBO ARTYSTYCZNYCH, STANOWIĄCYCH ZNACZNY WKŁAD W ROZWÓJ OKREŚLONEJ DYSCYPLINY**I. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH ALBO ARTYSTYCZNYCH, O KTÓRYCH MOWA W ART. 219 UST. 1. PKT 2 USTAWY****1. CYKL POWIĄZANYCH TEMATYCZNIE ARTYKUŁÓW NAUKOWYCH, ZGODNIE Z ART. 219 UST. 1. PKT 2B USTAWY****H1. Zielezinski A, Vinga S, Almeida J, Karlowski WM\****Alignment-free sequence comparison: benefits, applications, and tools*

Genome Biology. 2017 18(1):186. doi: 10.1186/s13059-017-1319-7

IF<sub>2017</sub> = **13,214**5IF<sub>2021</sub> = **20,366**MEiN<sub>2023</sub> = **200**

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu; dokonanie zestawienia i implementacji metod alignment-free (AF); opracowanie i utworzenie aplikacji internetowej; przeprowadzenie oceny skuteczności metod AF; analizowanie i interpretacja wyników; napisanie roboczej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków, tabel i materiałów uzupełniających); przygotowanie końcowej wersji manuskryptu i odpowiedzi dla recenzentów.

**H2. Zielezinski A, Girgis HZ, Bernard G, Leimeister CA, Tang K, Dencker T, Lau AK, Röhling S, Choi JJ, Waterman MS, Comin M, Kim SH, Vinga S, Almeida JS, Chan CX, James BT, Sun F, Morgenstern B, Karlowski WM\****Benchmarking of alignment-free sequence comparison methods*

Genome Biology. 2019 20(1):144. doi: 10.1186/s13059-019-1755-7

IF<sub>2019</sub> = **10,806**5IF<sub>2021</sub> = **20,366**MEiN<sub>2023</sub> = **200**

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań i ich koordynowaniu; przygotowanie ośmiu z 12 zestawów referencyjnych sekwencji; uruchomienie 14 z 24 narzędzi AF; opracowanie i zaimplementowanie procedur oceny metod AF; dokonanie oceny wszystkich 24 narzędzi AF na wszystkich 12 zestawach referencyjnych; analizowanie i interpretacja wyników; opracowanie i utworzenie aplikacji internetowej AFproject; opracowanie planu manuskryptu i napisanie roboczej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków, tabel i materiałów uzupełniających); przygotowanie końcowej wersji manuskryptu i odpowiedzi dla recenzentów.

**H3. Zielezinski A\*, Barylski J, Karlowski WM\****Taxonomy-aware, sequence similarity ranking reliably predicts phage-host relationships*

BMC Biology. 2021 19(1):223. doi: 10.1186/s12915-021-01146-6

IF<sub>2021</sub> = **7,431**5IF<sub>2021</sub> = **8,641**MEiN<sub>2023</sub> = **140**

Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji badań i ich koordynowanie; opracowanie i implementacja metody Phirbo do przewidywania interakcji wirus-gospodarz;

wykonanie wszystkich analiz bioinformatycznych (obejmujących m.in. przeprowadzenie testów opracowanej metody i pozostałych narzędzi oraz identyfikację rodzin genów podlegających horyzontalnemu transferowi między wirusami a bakteriami); analizowanie i interpretacja wyników; opracowanie planu manuskryptu i napisanie roboczej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków, tabel i materiałów uzupełniających); przygotowanie końcowej wersji manuskryptu i odpowiedzi dla recenzentów.

H4. **Zielezinski A\***, Deorowicz S, Gudyś A\*

*PHIST: fast and accurate prediction of prokaryotic hosts from metagenomic viral sequences*

Bioinformatics. 2022 38(5):1447-1449. doi: 10.1093/bioinformatics/btab837

IF<sub>2021</sub> = **6,931**

5IF<sub>2021</sub> = **8,778**

MEiN<sub>2023</sub> = **200**

Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji badań i ich koordynowanie; opracowanie metody PHIST do przewidywania interakcji wirus-gospodarz; wykonanie wszystkich analiz bioinformatycznych (obejmujących m.in. przeprowadzenie testów skuteczności i wydajności opracowanej metody); analizowanie i interpretacja wyników; opracowanie planu manuskryptu i napisanie roboczej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków i materiałów uzupełniających); przygotowanie końcowej wersji manuskryptu i odpowiedzi dla recenzentów.

\* autor korespondencyjny

## II. WYKAZ AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ ALBO ARTYSTYCZNEJ

### 1. WYKAZ OPUBLIKOWANYCH MONOGRAFII NAUKOWYCH

*Nie dotyczy*

### 2. WYKAZ OPUBLIKOWANYCH ROZDZIAŁÓW W MONOGRAFIACH NAUKOWYCH

Po uzyskaniu stopnia doktora:

N1. **Zielezinski A**, Karłowski WM\*

*Identification and Analysis of WG/GW ARGONAUTE-Binding Domains*

Plant Argonaute Proteins, 2017, Methods in Molecular Biology, wol. 1640, str. 241-256, Wydawnictwo Humana Press, New York.

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu; przygotowanie roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków).

- N2. Dolata J, **Zielezinski A**, Stepień A, Kruszka K, Bielewicz D, Pacak A, Jarmolowski A, Karłowski WM\*, Szewykowska-Kulinska Z\*  
*Quantitative Analysis of Plant miRNA Primary Transcripts*  
 RNA Abundance Analysis, 2020, Methods in Molecular Biology, wol. 2170, str. 53-77,  
 Wydawnictwo Humana Press, New York.

Wkład habilitanta: napisanie podrozdziału dotyczącego opisu zawartości i funkcjonalności bazy danych miREX; udział w przygotowaniu końcowej wersji manuskryptu.

### 3. WYKAZ CZŁONKOSTWA W REDAKCJACH NAUKOWYCH MONOGRAFII

*Nie dotyczy*

### 4. WYKAZ OPUBLIKOWANYCH ARTYKUŁÓW W CZASOPISMACH NAUKOWYCH (BEZ POZ. WYMIENIONYCH W PKT I.2)

Przed uzyskaniem stopnia doktora:

- N3. Karłowski WM\*, **Zielezinski A**, Carrère J, Pontier D, Lagrange T, Cooke R\*  
*Genome-wide computational identification of WG/GW Argonaute-binding proteins in Arabidopsis*  
 Nucleic Acids Res. 2010 38(13):4231-45. doi: 10.1093/nar/gkq162
- |                                   |                                     |                                   |
|-----------------------------------|-------------------------------------|-----------------------------------|
| IF <sub>2010</sub> = <b>7,836</b> | 5IF <sub>2021</sub> = <b>17,210</b> | MEiN <sub>2023</sub> = <b>200</b> |
|-----------------------------------|-------------------------------------|-----------------------------------|

Wkład habilitanta: opracowanie i przeprowadzenie analizy nazwanej w artykule ‘virtual domain swapping’ i wykonanie związanego z nią rysunku 5; przeprowadzenie analiz statystycznych (m.in. dopasowanie rozkładów statystycznych, obliczenie *p*-wartości).

- N4. **Zielezinski A**, Karłowski WM\*  
*Agos—a universal web tool for GW Argonaute-binding domain prediction*  
 Bioinformatics. 2011 27(9):1318-9. doi: 10.1093/bioinformatics/btr128
- |                                   |                                    |                                   |
|-----------------------------------|------------------------------------|-----------------------------------|
| IF <sub>2011</sub> = <b>5,468</b> | 5IF <sub>2021</sub> = <b>8,778</b> | MEiN <sub>2023</sub> = <b>200</b> |
|-----------------------------------|------------------------------------|-----------------------------------|

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu; opracowanie i implementacja serwisu internetowego Agos; udział w przygotowaniu roboczej i końcowej wersji manuskryptu oraz odpowiedzi dla recenzentów.

- N5. Bielewicz D, Dolata J, **Zielezinski A**, Alaba S, Szarzynska B, Szczesniak MW, Jarmolowski A, Szewykowska-Kulinska Z\*, Karłowski WM\*  
*mirEX: a platform for comparative exploration of plant pri-miRNA expression data*  
 Nucleic Acids Res. 2012 40(Database issue):D191-7. doi: 10.1093/nar/gkr878
- |                                   |                                     |                                   |
|-----------------------------------|-------------------------------------|-----------------------------------|
| IF <sub>2012</sub> = <b>8,278</b> | 5IF <sub>2021</sub> = <b>17,210</b> | MEiN <sub>2023</sub> = <b>200</b> |
|-----------------------------------|-------------------------------------|-----------------------------------|

Wkład habilitanta: opracowanie i utworzeniu interfejsu użytkownika bazy danych miREX; udział w przygotowaniu końcowej wersji manuskryptu.

N6. **Zielezinski A**, Potarzycki P, Książkiewicz M, Karłowski WM\*

*Annotating a non-model plant genome – a study on the narrow-leafed lupin*

BioTechnologia. 2012 93(3):318-332. doi: 10.5114/bta.2012.46586

IF<sub>2012</sub> = **brak**

5IF<sub>2021</sub> = **brak**

MEiN<sub>2023</sub> = **70**

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu; udział w implementacji metody CEL służącej do adnotacji genomu; przeprowadzenie analiz bioinformatycznych; analizowanie i interpretacja wyników; przygotowanie roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wszystkimi rysunkami); udział w przygotowaniu odpowiedzi dla recenzentów.

N7. **Zielezinski A**, Karłowski WM\*

*Integrative data analysis indicates an intrinsic disordered domain character of Argonaute-binding motifs*

Bioinformatics. 2015 31(3):332-9. doi: 10.1093/bioinformatics/btu666

IF<sub>2015</sub> = **5,766**

5IF<sub>2021</sub> = **8,778**

MEiN<sub>2023</sub> = **200**

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu; opracowanie i implementacja metod (Wsearch i iWsearch) służących do identyfikacji domen białkowych GW; opracowanie i utworzenie serwisu internetowego Whub; przeprowadzenie analiz bioinformatycznych; analizowanie i interpretacja wyników; przygotowanie roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków, tabel i materiałów uzupełniających); udział w przygotowaniu odpowiedzi dla recenzentów.

Po uzyskaniu stopnia doktora:

N8. **Zielezinski A**, Karłowski WM\*

*Early origin and adaptive evolution of the GW182 protein family, the key component of RNA silencing in animals*

RNA Biol. 2015;12(7):761-70. doi: 10.1080/15476286.2015.1051302

IF<sub>2015</sub> = **4,076**

5IF<sub>2021</sub> = **6,486**

MEiN<sub>2023</sub> = **100**

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań i zaplanowaniu manuskryptu; przeprowadzenie analiz bioinformatycznych; analizowanie i interpretacja wyników; przygotowanie roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wszystkimi rysunkami, tabelami i materiałami dodatkowymi); udział w przygotowaniu odpowiedzi dla recenzentów.

N9. Książkiewicz M\*, **Zielezinski A**, Wyrwa K, Szczepaniak A, Rychel S, Karłowski W, Wolko B, Naganowska B.

*Remnants of the Legume Ancestral Genome Preserved in Gene-Rich Regions: Insights from Lupinus angustifolius Physical, Genetic, and Comparative Mapping*

Plant Mol Biol Report. 2015;33(1):84-101. doi: 10.1007/s11105-014-0730-4

IF<sub>2015</sub> = **2,034**

5IF<sub>2021</sub> = **2,011**

MEiN<sub>2023</sub> = **70**

Wkład habilitanta: przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. adnotacja genomu, identyfikacja regionów syntenicznych w genomach roślinnych); analizowanie, interpretacja i opisanie w manuskrypcie uzyskanych wyników.

- N10. **Zielezinski A**, Dolata J, Alaba S, Kruszka K, Pacak A, Swida-Barteczka A, Knop K, Stepien A, Bielewicz D, Pietrykowska H, Sierocka I, Sobkowiak L, Lakomiak A, Jarmolowski A, Szweykowska-Kulinska Z\*, Karlowski WM\*

*mirEX 2.0 - an integrated environment for expression profiling of plant microRNAs*

BMC Plant Biol. 2015 15:144. doi: 10.1186/s12870-015-0533-2

IF<sub>2015</sub> = **3,631**

5IF<sub>2021</sub> = **5,761**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

Wkład habilitanta: opracowanie i implementacja interfejsu użytkownika bazy danych miREX 2.0; udział w przygotowaniu końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków i materiałów uzupełniających).

- N11. Szymanski M\*, **Zielezinski A**, Barciszewski J, Erdmann VA, Karlowski WM\*

*5SRNadb: an information resource for 5S ribosomal RNAs*

Nucleic Acids Res. 2016 44(D1):D180-3. doi: 10.1093/nar/gkv1081

IF<sub>2016</sub> = **10,162**

5IF<sub>2021</sub> = **17,210**

MEiN<sub>2023</sub> = **200**

Wkład habilitanta: implementacja bazy danych 5SRNadb; udział w opracowaniu interfejsu użytkownika i jego implementacja; udział w przygotowaniu końcowej wersji manuskryptu.

- N12. **Zielezinski A**, Dziubek M, Sliski J, Karlowski WM\*

*ORCAN-a web-based meta-server for real-time detection and functional annotation of orthologs*

Bioinformatics. 2017 33(8):1224-1226. doi: 10.1093/bioinformatics/btw825

IF<sub>2017</sub> = **5,481**

5IF<sub>2021</sub> = **8,778**

MEiN<sub>2023</sub> = **200**

Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji badań i udział w ich koordynowaniu; opracowanie i implementacja serwisu ORCAN; przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. ewaluacja przewidywań serwisu); przygotowanie roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wszystkimi rysunkami i materiałami dodatkowymi); udział w przygotowaniu odpowiedzi dla recenzentów.

- N13. Sobkowiak R\*, **Zielezinski A**, Karlowski WM, Lesicki A.

*Nicotine affects protein complex rearrangement in Caenorhabditis elegans cells*

Drug Chem Toxicol. 2017 40(4):470-483. doi: 10.1080/01480545.2016.1264411

IF<sub>2017</sub> = **1,531**

5IF<sub>2021</sub> = **2,528**

MEiN<sub>2023</sub> = **40**

Wkład habilitanta: przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. utworzenie sieci oddziaływań białko-białko); analizowanie i interpretacja uzyskanych wyników.

- N14. Thompson A, **Zielezinski A**, Plewka P, Szymanski M, Nuc P, Szweykowska-Kulinska Z, Jarmolowski A, Karlowski WM\*  
*tRex: A Web Portal for Exploration of tRNA-Derived Fragments in Arabidopsis thaliana*  
Plant Cell Physiol. 2018 59(1):e1. doi: 10.1093/pcp/pcx173

IF<sub>2018</sub> = **4,059**

5IF<sub>2021</sub> = **5,783**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

Wkład habilitanta: opracowanie i utworzenie interfejsu użytkownika bazy danych tRex; udział w przygotowaniu końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków).

- N15. Pietrowska-Borek M\*, Nuc K, Stroinski A, **Zielezinski A**, Zielezinska M, Wojdyla-Mamon A  
*Is RAB GTPase homolog E1B (RABE1b) involved in response to cadmium stress in Arabidopsis thaliana seedlings by cGMP synthesis?*  
Acta Biochimica Polonica. 2018 64(S2)

IF<sub>2018</sub> = **2,349**

5IF<sub>2021</sub> = **1,463**

MEiN<sub>2023</sub> = **70**

Wkład habilitanta: przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. wyszukiwanie funkcjonalnych motywów sekwencji białkowych); analizowanie i interpretacja wyników.

- N16. Groszyk J, Yanushevskaya Y, **Zielezinski A**, Nadolska-Orczyk A, Karlowski WM, Orczyk W\*  
*Annotation and profiling of barley GLYCOGEN SYNTHASE3/Shaggy-like genes indicated shift in organ-preferential expression*  
PLOS ONE. 2018 13(6):e0199364. doi: 10.1371/journal.pone.0199364

IF<sub>2018</sub> = **2,776**

5IF<sub>2021</sub> = **4,069**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań bioinformatycznych; przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. adnotacja genów, identyfikacja genów ortologicznych i paralogicznych, analiza filogenetyczna); analizowanie, interpretacja i opisanie w manuskrypcie uzyskanych wyników (wraz z wykonaniem rysunku 1).

- N17. Dmochowska-Boguta M, Kloc Y, **Zielezinski A**, Werecki P, Nadolska-Orczyk A, Karlowski WM, Orczyk W\*  
*TaWAK6 encoding wall-associated kinase is involved in wheat resistance to leaf rust similar to adult plant resistance*  
PLOS ONE. 2020 15(1):e0227713. doi: 10.1371/journal.pone.0227713

IF<sub>2020</sub> = **3,240**

5IF<sub>2021</sub> = **4,069**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań bioinformatycznych; przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. identyfikacja genów ortologicznych i paralogicznych, adnotacja funkcjonalna genów i analiza domen białkowych); analizowanie, interpretacja i opisanie w manuskrypcie uzyskanych wyników (wraz z wykonaniem rysunku 1).

- N18. Kloc Y, Dmochowska-Boguta M, **Zielezinski A**, Nadolska-Orczyk A, Karłowski WM, Orczyk W\*

*Silencing of HvGSK1.1-A GSK3/SHAGGY-Like Kinase-Enhances Barley (*Hordeum vulgare* L.) Growth in Normal and in Salt Stress Conditions*

Int J Mol Sci. 2020 21(18):6616. doi: 10.3390/ijms21186616

IF<sub>2020</sub> = **5,924**

5IF<sub>2021</sub> = **6,628**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

Wkład habilitanta: przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. przewidywanie miejsc wiązania czynników transkrypcyjnych); analizowanie, interpretacja i opisanie w manuskrypcie uzyskanych wyników.

- N19. Baranek J\*, Pogodziński B, Szipluk N, **Zielezinski A**.

*TOXiTAXi: a web resource for toxicity of Bacillus thuringiensis protein compositions towards species of various taxonomic groups*

Sci Rep. 2020 10(1):19767. doi: 10.1038/s41598-020-75932-7

IF<sub>2020</sub> = **4,380**

5IF<sub>2021</sub> = **4,409**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji prac bioinformatycznych i ich koordynowanie; zaprojektowanie bazy danych; udział w przygotowaniu roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków).

- N20. Coutinho F\*, Zaragoza-Solas A, López-Pérez M, Barylski J, **Zielezinski A**, Dutilh BE, Edwards R, Rodriguez-Valera F

*RaFAH: Host prediction for viruses of Bacteria and Archaea based on protein content*

Patterns (N Y). 2021 2(7):100274. doi: 10.1016/j.patter.2021.100274

IF<sub>2020</sub> = **Czasopismo od 2020**

5IF<sub>2021</sub> = **brak**

MEiN<sub>2023</sub> = **20**

Wkład habilitanta: przeprowadzenie analiz bioinformatycznych związanych z przewidywaniem gospodarzy wirusów infekujących archeony za pomocą programów WiSH i BLAST; udział w przygotowaniu roboczej i końcowej wersji manuskryptu.

- N21. Albrycht K, Rynkiewicz AA, Harasymczuk M, Barylski J, **Zielezinski A**\*

*Daily Reports on Phage-Host Interactions*

Front Microbiol. 2022 13:946070. doi: 10.3389/fmicb.2022.946070

IF<sub>2021</sub> = **6,064**

5IF<sub>2021</sub> = **6,843**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji badań i ich koordynowanie; zaprojektowanie bazy danych i serwisu REST API; analizowanie i interpretacja wyników;



przygotowanie roboczej i końcowej wersji manuskryptu; przygotowanie odpowiedzi dla recenzentów.

- N22. Pietrykowska H, Sierocka I, **Zielezinski A**, Alisha A, Carrasco-Sanchez JC, Jarmolowski A, Karlowski WM\*, Szweykowska-Kulinska Z\*  
*Biogenesis, conservation, and function of miRNA in liverworts*  
J Exp Bot. 2022 73(13):4528-4545. doi: 10.1093/jxb/erac098

---

IF<sub>2021</sub> = **7,298**

5IF<sub>2021</sub> = **8,331**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

---

Wkład habilitanta: przeprowadzenie analiz bioinformatycznych związanych z wyszukaniem genów ortologicznych oraz identyfikacją domen białkowych; analizowanie, interpretacja i opisanie w manuskrypcie uzyskanych wyników (wraz z wykonaniem wybranych rysunków i tabel).

- N23. **Zielezinski A**, Loch JI, Karlowski WM\*, Jaskolski M\*

*Massive annotation of bacterial L-asparaginases reveals their puzzling distribution and frequent gene transfer events*

Sci Rep. 2022 12(1):15797. doi: 10.1038/s41598-022-19689-1

---

IF<sub>2021</sub> = **4,997**

5IF<sub>2021</sub> = **5,516**

MEiN<sub>2023</sub> = **140**

---

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań; przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. identyfikacja białek L-asparaginaz, rekonstrukcja filogenetyczna, identyfikacja horyzontalnego transferu genów, utworzeniu profili sekwencji białkowych); przygotowanie roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wybranych rysunków i materiałów uzupełniających); udział w przygotowaniu odpowiedzi dla recenzentów.

- N24. Karlowski WM\*, Varshney D, **Zielezinski A**.

*Taxonomically Restricted Genes in Bacillus may Form Clusters of Homologs and Can be Traced to a Large Reservoir of Noncoding Sequences*

Genome Biol Evol. 2023 15(3):evad023. doi: 10.1093/gbe/evad023

---

IF<sub>2021</sub> = **4,065**

5IF<sub>2021</sub> = **4,216**

MEiN<sub>2023</sub> = **100**

---

Wkład habilitanta: nadzorowanie analiz bioinformatycznych; przeprowadzenie rekonstrukcji filogenetycznych bakterii z rodzaju *Bacillus* na podstawie sekwencji pełnych genomów; analizowanie i interpretacja wyników; udział w przygotowaniu końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków i materiałów uzupełniających); udział w przygotowaniu odpowiedzi dla recenzentów.

- N25. Janicki M, Ściuk A, **Zielezinski A**, Ruszkowski M, Ludwików A, Karlowski WM, Jaskolski M, Loch JI\*

*The effects of nature-inspired amino acid substitutions on structural and biochemical properties of the E. coli L-asparaginase EcAIII*

Protein Sci. 2023 32(6):e4647. doi: 10.1002/pro.4647

---

IF <sub>2021</sub> = <b>6,993</b>	5IF <sub>2021</sub> = <b>6,237</b>	MEiN <sub>2023</sub> = <b>100</b>
-----------------------------------	------------------------------------	-----------------------------------

---

Wkład habilitanta: przeprowadzenie prac bioinformatycznych dotyczących analizy porównawczej sekwencji białkowych; analizowanie, interpretacja i opisanie w manuskrypcie uzyskanych wyników; udział w przygotowaniu roboczej i końcowej wersji manuskryptu.

N26. **Zielezinski A**, Dobrychlop W, Karłowski WM\*

*TRGdb: a universal resource for exploration of taxonomically restricted genes in bacteria*

Database (Oxford). 2023 baad058. doi: 10.1093/database/baad058

---

IF <sub>2021</sub> = <b>4,462</b>	5IF <sub>2021</sub> = <b>4,766</b>	MEiN <sub>2023</sub> = <b>100</b>
-----------------------------------	------------------------------------	-----------------------------------

---

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań; przeprowadzenie analiz bioinformatycznych (m.in. identyfikacja genów osieroconych i taksonomicznie specyficznych); analizowanie i interpretacja wyników; opracowanie i implementacja bazy danych TRGdb wraz z interfejsem użytkownika; udział w przygotowaniu roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków, tabel i materiałów uzupełniających); udział w przygotowaniu odpowiedzi dla recenzentów.

N27. Chodkowski M, **Zielezinski A**, Anbalagan S\*

*A ligand-receptor interactome atlas of the zebrafish*

iScience. 2023 26(8). doi: 10.1016/j.isci.2023.107309

---

IF <sub>2021</sub> = <b>6,107</b>	5IF <sub>2021</sub> = <b>6,233</b>	MEiN <sub>2023</sub> = <b>20</b>
-----------------------------------	------------------------------------	----------------------------------

---

Wkład habilitanta: opracowanie koncepcji prac bioinformatycznych i ich nadzorowanie; przeprowadzenie przewidywań lokalizacji komórkowych białek; udział w przygotowywaniu końcowej wersji manuskryptu i odpowiedzi dla recenzentów.

N28. Rozwałak P, Barylski J, Wijesekara YR, Dutilh BE\*, **Zielezinski A**\*

*Ultraconserved bacteriophage genome sequence identified in 1300-year-old human paleofaeces*

bioRxiv. 2023 (w recenzji Nat. Commun.). doi: 10.1101/2023.06.01.543182

---

IF <sub>2021</sub> = <b>brak</b>	5IF <sub>2021</sub> = <b>brak</b>	MEiN <sub>2023</sub> = <b>brak</b>
----------------------------------	-----------------------------------	------------------------------------

---

Wkład habilitanta: udział w opracowaniu koncepcji badań; koordynowanie badań; udział w prowadzeniu analiz bioinformatycznych (m.in. przewidywanie gospodarzy kopalnych bakteriofagów, analizy filogenetyczne, klasyfikacja taksonomiczna i określenie cyklu replikacyjnego kopalnych wirusów); analizowanie i interpretacja wyników; udział w przygotowaniu roboczej i końcowej wersji manuskryptu (wraz z wykonaniem wszystkich rysunków); udział w przygotowaniu odpowiedzi dla recenzentów.

---

5. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ PROJEKTOWYCH, KONSTRUKCYJNYCH, TECHNOLOGICZNYCH (Z ZAZNACZENIEM POZYCJI NIEWYMIENIONYCH W PKT I.3)

*Nie dotyczy*

---

6. WYKAZ PUBLICZNYCH REALIZACJI DZIEŁ ARTYSTYCZNYCH (Z ZAZNACZENIEM POZYCJI NIEWYMIENIONYCH W PKT I.3)

*Nie dotyczy*

---

7. WYKAZ WYSTĄPIEŃ NA KRAJOWYCH LUB MIĘDZYNARODOWYCH KONFERENCJACH NAUKOWYCH LUB ARTYSTYCZNYCH, Z WYSZCZEGÓLNIENIEM PRZEDSTAWIONYCH WYKŁADÓW NA ZAPROSZENIE I WYKŁADÓW PLENARNYCH

Po uzyskaniu stopnia doktora:

- Konferencja międzynarodowa: LAS2022 (Life and Space 2022), 2-4.12.2022, on-line. Poster: Kilichowska M, Zielezinski A, Karłowski WM, Lewiński K, Jaskolski M, Loch J. "Extremophiles as a source of potential anticancer therapeutics: a search for novel L-asparaginases".
- Konferencja międzynarodowa: ECCB2022 (21st European Conference on Computational Biology), 12-21.09.2022, Barcelona, Hiszpania. Poster: Karłowski WM, Varshney D, Zielezinski A. "De novo gene evolution in bacteria: a case study of taxonomically restricted genes in *Bacillus*".
- Konferencja międzynarodowa: Meeting of the EMBO Young Investigator Network on computational methods in ecology and evolutionary biology of microbes, 7-9.07.2022, Chęciny, Polska. **Referat na zaproszenie:** Barylski J, Zielezinski A. "Tell me who your enemy is, and I will still not tell you know who you are - the hard problem of phage-host prediction".
- Konferencja międzynarodowa: ISMB 2018 (26th Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology), 6-10 lipca 2019, Chicago, USA. Poster: Zielezinski A, Karłowski WM. "One-stop shop for alignment-free sequence comparison".
- Konferencja międzynarodowa: XIV International Lupin Conference, 21-26.06.2015, Milan, Włochy. Poster: Książkiewicz M, Wyrwa K, Rychel S, Szczepaniak A, Susek K, Zieleziński A, Bielski W, Karłowski W, Naganowska B, Wolko B. „Comparative genomics of *Lupinus angustifolius* L. gene-rich regions".
- Konferencja międzynarodowa: The Twentieth Annual Meeting of the RNA Society, 26-31.05.2015, University of Wisconsin – Madison, USA. Poster: Karłowski W, Thompson A, Plewka P, Szymanski M, Zielezinski A, Nuc P, Jarmolowski A. "Whole genome computational analysis of tRNA-derived small RNAs in *Arabidopsis thaliana* RNA biogenesis mutants".

- Konferencja krajowa: II Ogólnopolska Konferencja Biotechnologia niejedno ma imię, 23-24.11.2019, Poznań, Polska. **Referat na zaproszenie:** Zielezinski A. „Porównanie sekwencji biologicznych metodami alignment-free”.
- Konferencja krajowa: Plant genomics resources and phenotypic data standardization, 27-28.06.2014, Poznań, Polska. Referat w języku angielskim: Zielezinski A. “Application of new web technologies in biological research and databases”.
- Konferencja krajowa: III Konferencja Naukowo-Dydaktyczna Wydziału Biologii UAM, 10-12.04.2014, Poznań, Polska. Poster: Sobkowiak R, Zieleziński A, Karłowski W, Lesicki A. „Analiza proteomiczna kompleksu rdzeniowego biorącego udział w odpowiedzi na nikotynę u *Caenorhabditis elegans*”.

Przed uzyskaniem stopnia doktora:

- Konferencja międzynarodowa: Symposium Zurich-Basel Plant Science Center, 4.11.2011, Zurych, Szwajcaria. Poster: Bielewicz D., Dolata J., Zieleziński A., Alaba S. “mirEX: a platform for comparative exploration of plant pri-miRNA expression data”.
- Konferencja międzynarodowa: 13th International Lupin Conference, 6-10.06.2011, Poznań. Poster: Zielezinski A, Potarzycki P, Karłowski WM. “Cel: A computational environment for annotation and comparative analysis of Lupin genome”.
- Konferencja międzynarodowa 8th Plant Genomics European Meetings, 7-10.10.2009, Lizbona, Portugalia. Poster: Plakat: Karłowski WM, Zielezinski A. “Whole genome annotation of GW repeat proteins in Arabidopsis”.
- Konferencja krajowa II Zjazd Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, 02-04.10.2009, Będlewo, Polska. Referat w języku angielskim: Zielezinski A, Karłowski WM. “Computational identification and comparative analysis of Argonaute-binding platforms found in plant RRM proteins”.

---

8. WYKAZ UDZIAŁU W KOMITETACH ORGANIZACYJNYCH I NAUKOWYCH KONFERENCJI KRAJOWYCH LUB MIĘDZYNARODOWYCH, Z PODANIEM PEŁNIONEJ FUNKCJI

*Nie dotyczy*

---

9. WYKAZ UCZESTNICTWA W PRACACH ZESPOŁÓW BADAWCZYCH REALIZUJĄCYCH PROJEKTY FINANSOWANE W DRODZE KONKURSÓW KRAJOWYCH LUB ZAGRANICZNYCH, Z PODZIAŁEM NA PROJEKTY ZREALIZOWANE I BĘDĄCE W TOKU REALIZACJI, ORAZ Z UWZGLĘDNIENIEM INFORMACJI O PEŁNIONEJ FUNKCJI W RAMACH PRAC ZESPOŁÓW

Zrealizowane po uzyskaniu stopnia doktora:

- Kierownik grantu: **SONATA-14 NCN 2018/31/D/NZ2/00108**

„Typowanie gospodarzy wirusów na podstawie metagenomowych sekwencji wirusowych przy wykorzystaniu algorytmów ‘alignment-free’”

2019-06-21 - 2023-06-20

Kwota dofinansowania: 545 820 PLN

- Wykonawca grantu: **OPUS NCN 2017/25/B/NZ2/00187**  
„Identyfikacja i adnotacja funkcjonalna taksonomicznie-specyficznych genów bakterii”  
2018-01-24 - 2022-12-23

Zrealizowane przed uzyskaniem stopnia doktora:

- Kierownik grantu: **PRELUDIUM-2 NCN 2011/03/N/NZ2/01440**  
„Identyfikacja nowych wirusowych białek GW hamujących mechanizmy obronne procesu RNAi roślin i zwierząt”  
2012-09-18 - 2013-09-17  
Kwota dofinansowania: 70 900 PLN

---

10. WYKAZ CZŁONKOSTWA W MIĘDZYNARODOWYCH LUB KRAJOWYCH ORGANIZACJACH I TOWARZYSTWACH NAUKOWYCH WRAZ Z INFORMACJĄ O PEŁNIONYCH FUNKCJACH

- Członek, International Society for Computational Biology, w latach 2018-2020.
- Członek, Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne, w latach 2008-2010.
- Członek i moderator internetowego portalu bioinformatycznego *BioStars*, który umożliwia wymianę wiedzy, doświadczeń i pytań z zakresu bioinformatyki i biologii obliczeniowej, od 2012.

---

11. WYKAZ STAŻY W INSTYTUCJACH NAUKOWYCH LUB ARTYSTYCZNYCH, W TYM ZAGRANICZNYCH, Z PODANIEM MIEJSCA, TERMINU, CZASU TRWANIA STAŻU I JEGO CHARAKTERU

06-07.2023 Zakład Krystalochemii i Krystalofizyki, Wydział Chemii, Uniwersytet Jagielloński, Kraków, Polska (**Załącznik nr 7**)

W trakcie miesięcznego stażu (15.06.2023 – 15.07.2023) w zespole biokrytalografii Zakładu Krystalochemii i Krystalofizyki przeprowadziłem badania bioinformatyczne w zakresie identyfikacji i analizy porównawczej sekwencji L-asparaginaz w różnych jednostkach taksonomicznych, szczególnie w obrębie sekwencji białek z mikroorganizmów ekstremofilnych (np. bakterie i archeony). W wyniku tych badań zidentyfikowałem L-asparaginazy o nietypowych właściwościach dotyczących sekwencji aminokwasowej i przewidzianych struktur trzeciorzędowych. Uzyskane w trakcie stażu wyniki zostaną przedstawione we wspólnym artykule naukowym, obejmującym zarówno przewidywania bioinformatyczne, jak i weryfikację doświadczalną.

---

12. WYKAZ CZŁONKOSTWA W KOMITETACH REDAKCYJNYCH I RADACH NAUKOWYCH CZASOPISM WRAZ Z INFORMACJĄ O PEŁNIONYCH FUNKCJACH (NP. REDAKTORA NACZELNEGO, PRZEWODNICZĄCEGO RADY NAUKOWEJ, ITP.)

*Nie dotyczy*

---

13. WYKAZ RECENZOWANYCH PRAC NAUKOWYCH LUB ARTYSTYCZNYCH, W SZCZEGÓLNOŚCI PUBLIKOWANYCH W CZASOPISMACH MIĘDZYNARODOWYCH

Byłem recenzentem 32 prac w czasopismach o zasięgu międzynarodowym (dane z *Web of Science - Clarivate* z dnia 15.08.2023):

- *Acta Physiologiae Plantarum* (2) [IF: 2,7]
- *Bioinformatics* (4) [IF: 6,9]
- *BioSystems* (1) [IF: 2,0]
- *BMC Bioinformatics* (3) [IF: 3,3]
- *Briefings in Bioinformatics* (4) [IF: 14,0]
- *Cells* (1) [IF: 7,7]
- *Computational and Structural Biotechnology Journal* (1) [IF: 6,2]
- *Gene* (2) [IF: 3,9]
- *Genomics* (1) [IF: 4,3]
- *Genomics, Proteomics & Bioinformatics* (1) [IF: 6,4]
- *Journal of Computational Biology* (1) [IF: 1,5]
- *Journal of Molecular Graphics and Modelling* (2) [IF: 2,9]
- *NAR Genomics and Bioinformatics* (1) [IF: 4,6]
- *Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics* (3) [IF: 2,3]
- *Patterns* (1) [IF: 6,5]
- *PeerJ* (1) [IF: 3,1]
- *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)* (1) [IF: 12,8]
- *Scientific Reports* (1) [IF: 5,0]
- *Viruses* (1) [IF: 5,8]

---

14. WYKAZ UCZESTNICTWA W PROGRAMACH EUROPEJSKICH LUB INNYCH PROGRAMACH MIĘDZYNARODOWYCH

*Nie dotyczy*

---

15. WYKAZ UDZIAŁU W ZESPOŁACH BADAWCZYCH, REALIZUJĄCYCH PROJEKTY INNE NIŻ OKREŚLONE W PKT. II.9

*Nie dotyczy*

---

16. WYKAZ UCZESTNICTWA W ZESPOŁACH OCENIAJĄCYCH WNIOSKI O FINANSOWANIE BADAŃ, WNIOSKI O PRYZNANIE NAGRÓD NAUKOWYCH, WNIOSKI W INNYCH KONKURSACH MAJĄCYCH CHARAKTER NAUKOWY LUB DYDAKTYCZNY

*Nie dotyczy*

---

III. WSPÓŁPRACA Z OTOCZENIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

---

1. WYKAZ DOROBKU TECHNOLOGICZNEGO

*Nie dotyczy*

---

2. WSPÓŁPRACY Z SEKTOREM GOSPODARCZYM

*Nie dotyczy*

---

3. WYKAZ UZYSKANYCH PRAW WŁASNOŚCI PRZEMYSŁOWEJ, W TYM UZYSKANYCH PATENTÓW KRAJOWYCH LUB MIĘDZYNARODOWYCH

*Nie dotyczy*

---

4. WYKAZ WDROŻONYCH TECHNOLOGIACH

*Nie dotyczy*

---

5. WYKAZ WYKONANYCH EKSPERTYZ LUB INNYCH OPRACOWAŃ WYKONANYCH NA ZAMÓWIENIE INSTYTUCJI PUBLICZNYCH LUB PRZEDSIĘBIORCÓW

*Nie dotyczy*

---

6. WYKAZ UDZIAŁU W ZESPOŁACH EKSPERCKICH LUB KONKURSOWYCH

*Nie dotyczy*

---

7. WYKAZ PROJEKTÓW ARTYSTYCZNYCH REALIZOWANYCH ZE ŚRODOWISKAMI POZAARTYSTYCZNYMI

*Nie dotyczy*

---

**IV. DANE NAUKOMETRYCZNE**

---

**1. IMPACT FACTOR (W DZIEDZINACH I DYSCYPLINACH, W KTÓRYCH PARAMETR TEN JEST POWSZECHNIE UŻYWANY JAKO WSKAŹNIK NAUKOMETRYCZNY)**

Sumaryczny Impact Factor (IF), zgodny z rokiem opublikowania i według bazy *Journal Citation Reports – Clarivate*, w trzech okresach:

- Przed uzyskaniem stopnia doktora: **27,348**
- Po uzyskaniu stopnia doktora: **128,011**
- Łącznie: **155,359**

Sumaryczny pięcioletni Impact Factor według aktualnej punktacji z 2021 roku (5IF<sub>2021</sub>):

- Przed uzyskaniem stopnia doktora: **51,976**
- Po uzyskaniu stopnia doktora: **169,488**
- Łącznie: **221,464**

---

**2. LICZBA CYTOWAŃ PUBLIKACJI WNIOSKODAWCY, Z ODDZIELNYM UWZGLĘDNIENIEM AUTOCYTOWAŃ**

Sumaryczna liczba cytowań z dnia 15.08.2023 według trzech baz danych literaturowych:

- *Scopus*: **691** (667 bez autocytowań)
- *Web of Science – Clarivate*: **657** bez autocytowań
- *Google Scholar*: **1059** (1048 bez autocytowań)

---

**3. INDEKS HIRSCHA**

Index Hirscha z dnia 15.08.2023 według poniższych trzech baz danych:

- *Scopus*: **12**
- *Web of Science – Clarivate*: **11**
- *Google Scholar*: **13**

---

**4. PUNKTACJA MINISTERSTWA EDUKACJI I NAUKI**

Sumaryczna liczba punktów Ministerstwa Edukacji i Nauki według aktualnej listy czasopism z 2023 roku (MEiN<sub>2023</sub>):

- Przed uzyskaniem stopnia doktora: **800**
- Po uzyskaniu stopnia doktora: **3020**
- Łącznie: **3820**

Andrzej Zieleziński  
.....  
(podpis wnioskodawcy)