

# ***Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie***

## **Wydział Biotechnologii i Hodowli Zwierząt**

### **KATEDRA MIKROBIOLOGII I BIOTECHNOLOGII**

Centrum Dydaktyczno-Badawcze Nanotechnologii  
al. Piastów 45, 70-311 Szczecin

tel. (091) 449 67 10; 67 13; fax (091) 454 16 42

Szczecin, dn. 25 stycznia 2024 r.

dr hab. inż. Paweł Nawrotek, prof. ZUT

tel.: 91-449-6710

e-mail: pawel.nawrotek@zut.edu.pl

#### **RECENZJA**

**osiągnięcia naukowego zatytułowanego: „Innowacyjne metody porównywania sekwencji w genomice porównawczej oraz w przewidywaniu interakcji między wirusami i bakteriami”** oraz pozostałego dorobku naukowego, aktywności naukowej realizowanej w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej, a także osiągnięć dydaktycznych, organizacyjnych i popularyzujących naukę dr. Andrzeja Zielezińskiego z Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, w związku z ubieganiem się o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie **nauk ścisłych i przyrodniczych** w dyscyplinie **nauki biologiczne**.

#### Podstawa prawna opracowania recenzji:

Uchwała nr 7/11/2023 rady naukowej dyscypliny nauki biologiczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu z dnia 24 listopada 2023 r. na podstawie art. 221 ust. 5 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742 ze zm.).

#### **Informacje ogólne**

Pan dr Andrzej Zieleziński jest absolwentem Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, gdzie w 2009 r. uzyskał tytuł magistra nauk biologicznych (specjalność bioinformatyka). Praca została zrealizowana w Zakładzie Biologii Obliczeniowej pod kierunkiem prof. dr. hab. Wojciecha M. Karłowskiego. W tym samym miejscu, w 2014 r. Habilitant obronił pracę doktorską, pt. „Identyfikacja domen WG/GW zaangażowanych w wiązanie białek Argonaute oraz analiza mechanizmów molekularnych odpowiedzialnych za ich zmienność”, zdobywając stopień doktora

nauk biologicznych w zakresie bioinformatyki. Promotorem rozprawy doktorskiej był również Pan prof. dr hab. Wojciech M. Karłowski. Od 2014 r. dr Andrzej Zieleziński jest zatrudniony na stanowisku adiunkta naukowo–dydaktycznego w Zakładzie Biologii Obliczeniowej Instytutu Biologii Molekularnej i Biotechnologii, na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.

Nieprzerwane prowadzenie i rozwijanie przez Habilitanta badań, w jednym miejscu od początku jego kariery naukowej, jest dowodem na to, że niewątpliwie znalazł tam stabilne warunki do pracy. Świadczy to też o konsekwencji i dużym zaangażowaniu Kandydata w wybrany obszar badawczy oraz potwierdza, że środowisko to zapewnia mu niezbędne możliwości do rozwoju naukowego.

### **Ocena osiągnięcia naukowego**

Jako wskazane do oceny **osiągnięcie naukowe Habilitanta znajduje się cykl czterech wieloautorskich powiązanych tematycznie artykułów naukowych**, zebranych pod wspólnym tytułem: „Innowacyjne metody porównywania sekwencji w genomice porównawczej oraz w przewidywaniu interakcji między wirusami i bakteriami”. Wszystkie prace zostały opublikowane w recenzowanych czasopismach naukowych, ujętych w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art. 267 ust. 2 pkt 2 lit. b ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce z dnia 20 lipca 2018 r., o bardzo znaczącym **wskaźniku oddziaływania (IF)** wynoszącym, zgodnie z rokiem opublikowania, łącznie **38,382**, przy czym sumaryczny **pięcioletni Impact Factor (IF<sub>5</sub>)** tych prac, zgodny z punktacją z 2021 roku, osiągnął **58,151**. Z kolei, punktacja **Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego** (wcześniej Ministerstwa Edukacji i Nauki), stosowana w danym okresie (MNiSW<sub>2023</sub>), wyniosła **740**, natomiast **liczba cytacji**, według różnych baz danych naukowych, mieściła się w zakresie od **351** do **627**, a bez autocytacji odpowiednio 349 i 625 (zgodnie ze stanem na dzień 15 sierpnia 2023 r.) Trzy spośród włączonych publikacji stanowią prace badawcze przedstawiające wyniki oryginalnych badań własnych, w tym o charakterze metodycznym, natomiast jedna jest artykułem przeglądowym. We wszystkich tych pracach Kandydat do stopnia naukowego jest pierwszym autorem, w dwóch jest również współautorem korespondencyjnym. Prace stanowiące osiągnięcie naukowe powstały w latach 2017–2022 po uzyskaniu stopnia doktora, a ze złożonych oświadczeń wynika, że Habilitant miał wiodący wkład w opracowanie koncepcji badań i ich koordynowanie, przeprowadzenie większości badań (analiz bioinformatycznych), analizę i interpretację uzyskanych wyników, a także przygotowanie wstępnej i końcowej wersji manuskryptów, w tym wykonanie rysunków, tabel i materiałów uzupełniających oraz odpowiedzi dla recenzentów.

W skład osiągnięcia naukowego zostały włączone następujące prace:

1. Zielezinski A., Vinga S., Almeida J., Karlowski W.M. 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, MNiSW<sub>2023</sub> = 200).
2. Zielezinski A., Girgis H.Z., Bernard G., Leimeister C.A., Tang K., Dencker T., Lau A.K., Röhling S., Choi J.J., Waterman M.S., Comin M., Kim S.H., Vinga S., Almeida J.S., Chan C.X., James B.T., Sun F., Morgenstern B., Karlowski W.M. 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, MNiSW<sub>2023</sub> = 200).
3. Zielezinski A., Barylski J., Karlowski W.M. 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, MNiSW<sub>2023</sub> = 140).
4. 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, MNiSW<sub>2023</sub> = 200).

Na wstępie swojego autoreferatu Habilitant przedstawia krótkie wprowadzenie do problemu badawczego stanowiące uzasadnienie badań, które złożyły się na wskazane osiągnięcie naukowe, zaznaczając, że większość z nich została zrealizowana w ramach grantu SONATA Narodowego Centrum Nauki. W jasny i zrozumiały sposób omówiono znaczenie analizy porównawczej sekwencji molekularnych w badaniach biologicznych, z zastosowaniem różnych metod opartych na algorytmach tworzących dopasowanie (czy jak woli Autor) przyrównanie sekwencji, w tym m.in. do przewidywania interakcji między wirusami a mikroorganizmami na podstawie podobieństwa ich sekwencji genomowych. Jednocześnie, wskazując na bardzo istotne problemy związane ze stosowaniem algorytmów przyrównania sekwencji w genomice porównawczej, dr Andrzej Zieleziński uświadamia konieczność opracowania nowych metod, które nie tworzą przyrównania, lecz wykorzystują inne właściwości porównywanych sekwencji. Przykładem takich metod, które bazują na porównywaniu sekwencji bez przyrównania, są metody analityczne określane skrótowo jako AF (ang. alignment-free methods) budzące coraz większe zainteresowanie wśród badaczy. Warto w tym miejscu podkreślić, iż zainteresowania naukowe metodami AF Habilitant rozpoczął już podczas realizacji pracy doktorskiej (w latach 2009–2014), a po uzyskaniu stopnia doktora skoncentrował się na szerszym wykorzystaniu tych metod w zakresie genomiki porównawczej. Niewielka skuteczność pierwszych programów komputerowych opartych na metodach AF, w porównaniu do programów wykorzystujących przyrównanie sekwencji, stała się powodem określenia zasadniczego celu podjętych badań jakim było systematyczne zestawienie metod AF oraz ocena ich przydatności i skuteczności w różnych

zastosowaniach genomiki porównawczej. W tym kontekście kolejnym wyznaczonym celem było opracowanie i implementacja metod, które pozwoliłyby na wiarygodne przewidywanie interakcji bakteriofag (fag)–bakteria na podstawie analizy ich sekwencji genomowych. Takie przedstawienie celów i zakresu tematycznego badań pozwala stwierdzić, że są one ambitne, niezwykle aktualne oraz ważne i przydatne zarówno z poznawczego, jak i aplikacyjnego punktu widzenia.

Charakterystykę i analizę wyników przeprowadzonych badań zawarto w czterech powiązanych tematycznie artykułach naukowych, które w sposób chronologiczny prezentują osiągnięcie naukowe Habilitanta: od kompleksowej charakterystyki, implementacji i zestawienia metod AF, przez opracowanie pierwszych testów umożliwiających obiektywną ocenę aktualnych narzędzi AF, po opracowanie nowych metod uzyskujących wyższą skuteczność typowania gospodarzy wirusów bakteryjnych w porównaniu do innych wiodących metod opartych na przyrównaniu sekwencji. Rezultaty takich prac mogą znacząco przyczynić się do szybszego określania interakcji bakteriofag–gospodarz, a tym samym umożliwić tworzenie bardziej efektywnych strategii walki z groźnymi patogenami bakteryjnymi, zwłaszcza w kontekście narastającego zjawiska lekooporności. Po analizie zestawionych publikacji należy stwierdzić, że spełniają one wszystkie standardy naukowe potwierdzające ich wysoką wartość merytoryczną, jak również oryginalność, solidność metodologii i wiarygodność uzyskanych wyników, a dodatkowym dowodem tego jest fakt, iż przeszły już rygorystyczny proces recenzji prowadzony przez wybranych ekspertów.

Jako niezmiernie istotny element swojego osiągnięcia naukowego (omówionego w publikacjach i wyraźnie wyróżnionego w autoreferacie) Autor wskazuje opracowane przez siebie aplikacje internetowe i programy, umożliwiające z jednej strony kompleksową ocenę metod AF (w ramach międzynarodowej inicjatywy badawczej), a z drugiej prognozowanie interakcji wirus–bakteria. Trudno się z tym nie zgodzić ponieważ stanowią one realny przykład praktycznego znaczenia badań prowadzonych przez dr. Andrzeja Zielezińskiego. Warto w tym miejscu wspomnieć, że narzędzia te (zgodnie z wynikami badań własnych Autora) charakteryzowały się o wiele większą dokładnością i pod wieloma względami wykazywały przewagę nad innymi konkurencyjnymi aplikacjami. Ponadto, zyskały one już dużą popularność wyrażoną wysoką liczbą cytowań i wielotysięczną rzeszą użytkowników, a także są wykorzystywane przez inne grupy badawcze, np. w celu identyfikacji gospodarzy nowo odkrytych wirusów w badaniach metagenomowych. Jak zaznacza sam Autor: szczególnym wyróżnieniem dla niego jest zastosowanie jednego z programów (PHIST) do wytypowania bakteryjnych gospodarzy dla ponad 15 milionów genomów bakteriofagów.

Do opracowanych i już stosowanych narzędzi przydatnych do porównywania sekwencji oraz przewidywania interakcji między fagami i bakteriami należą:

1. ogólnodostępna aplikacja internetowa o nazwie „Alfree” umożliwiająca, poprzez integrację aż 38 metod AF, wyznaczenie podobieństwa między sekwencjami nukleotydowymi lub aminokwasowymi dostarczonymi przez użytkownika, która dodatkowo, w przypadku bardziej złożonych analiz obejmujących duże zestawy sekwencji, została udostępniona w formie niezależnego narzędzia (alfpy) uruchamianego z wiersza poleceń na stacji roboczej lub serwerze obliczeniowym;
2. ogólnodostępna aplikacja internetowa AFproject wspierająca naukowców w wyborze narzędzi AF najbardziej odpowiednich do specyfiki ich badań, a także twórców nowych metod AF, którzy mogą według zautomatyzowanych procedur ocenić swój program na tle istniejących narzędzi;
3. program Phirbo będący rozszerzeniem programu BLAST, który znajduje powiązanie między fagiem a bakterią w oparciu o pośrednie porównanie ich sekwencji genomowych do sekwencji innych bakterii, poprawiając w ten sposób skuteczność typowania gospodarzy wirusów;
4. ogólnodostępny program o nazwie PHIST umożliwiający (według Autora) aktualnie najszybsze, bardzo precyzyjne prognozowanie interakcji fag–bakteria w badaniach metagenomowych, który został opracowany we współpracy z grupą badawczą z Wydziału Automatyki, Elektroniki i Informatyki Politechniki Śląskiej.

Wymienione narzędzia bioinformatyczne stanowiące ważną składową osiągnięcia naukowego Habilitanta oceniam bardzo wysoko, przede wszystkim ze względu na ich innowacyjny i aplikacyjny charakter, a także przykład realnego efektu własnej wieloletniej pracy. Istotny jest się również międzynarodowy wymiar realizowanych badań, wynikający m.in. z faktu nawiązania współpracy z innymi zagranicznymi ośrodkami naukowymi specjalizującymi się w rozwoju narzędzi AF, w celu ich kompleksowej oceny w szerszym zakresie genomiki porównawczej. Warto podkreślić, że z użyciem własnych (opracowanych przez siebie) aplikacji Kandydat mógł z powodzeniem zrealizować szereg zaawansowanych analiz bioinformatycznych. Analizy te, dzięki wyższej skuteczności typowania gospodarzy wirusów bakteryjnych i znacznie szybszemu przetwarzaniu wielkich zbiorów danych metagenomowych, rekompensowały ograniczenia innych stosowanych w tym celu programów użytkowych, również poprzez fakt możliwości ich przeprowadzania na niewyspecjalizowanym sprzęcie komputerowym. Wydaje się to niezmiernie ważne zwłaszcza z perspektywy naukowca–użytkownika wykorzystującego tylko okazjonalnie tego typu narzędzia, a dodatkowo także ze względu na znaczące zwiększenie ich dostępności.

Stworzone programy komputerowe mogły przyczynić się do usprawnienia badań dotyczących biologii bakteriofagów, przewidywania ich interakcji z komórkami gospodarza oraz określania możliwości potencjalnego zastosowania tych wirusów w terapii chorób bakteryjnych. Dowodem na to są przedstawione przez Habilitanta wyniki niezwykle interesujących i po części pionierskich badań,



wśród których, można wymienić, m.in. zidentyfikowanie i określenie funkcji wskazanych rodzin genów i niekodujących RNA, które podlegają wymianie między bakteriofagami i ich gospodarzami podczas infekcji. Na tej podstawie możliwe staje się wykrywanie ewentualnych zagrożeń związanych z transferem genów wirulencji czy antybiotykooporności na drodze transdukcji, co z kolei ma znaczenia dla bezpiecznego i skutecznego stosowania fagoterapii. Ponadto, bardzo istotnym osiągnięciem dr. Andrzeja Zielezińskiego było też przeprowadzenie wielkoskalowych przewidywań interakcji wirus–bakteria w ramach publicznie dostępnych projektów metagenomowych. Analizy te pozwoliły (w przeciwieństwie do innych metod prognozowania) wskazać potencjalnych gospodarzy dla setek tysięcy bakteriofagów. Doniosły jest także fakt wykorzystywania opracowanego narzędzia PHIST przez inne grupy badawcze, w celu identyfikacji gospodarzy nowo odkrytych wirusów bakteryjnych w badaniach metagenomowych, w tym zwłaszcza jego zastosowanie w ostatnim wydaniu największej bazy danych metagenomów wirusów (IMG/VR wersja 4) do wytypowania bakteryjnych gospodarzy dla ponad 15 milionów genomów fagowych.

Biorąc pod uwagę powyższe dane mogę z pełnym przekonaniem stwierdzić, iż przedstawiony mi do oceny cykl prac twórczych stanowi ważną pozycją naukową, precyzyjnie i konsekwentnie oddającą złożoną specyfikę prowadzonych (w latach 2017–2022) badań. Potwierdza to także pełne kompetencje Kandydata w zakresie podjętej problematyki badawczej, dotyczącej opracowania i praktycznego wykorzystania innowacyjnych narzędzi bioinformatycznych, do porównywania sekwencji w genomice porównawczej oraz do przewidywania interakcji między wirusami bakteryjnymi i komórkami ich gospodarzy.

Podsumowując, należy stwierdzić, że wskazane osiągnięcie naukowe (w postaci cyklu czterech powiązanych ze sobą publikacji) jest zgodne z głównym nurtem rozwoju naukowego Kandydata do stopnia doktora habilitowanego i **stanowi znaczący wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne.**

### **Ocena pozostałych osiągnięć naukowo–badawczych**

Zainteresowania naukowe dr. Andrzeja Zielezińskiego, a w konsekwencji dotychczasowa praca naukowo–badawcza, koncentrują się przede wszystkim na rozwoju i wykorzystaniu (tworzonych przez siebie) narzędzi bioinformatycznych w celu pełniejszego poznania i zrozumienia zjawisk oraz procesów biologicznych. Zarówno przed, jak i po uzyskaniu stopnia doktora, Habilitant zrealizował szereg badań, które udokumentowane w postaci prac opublikowanych w renomowanych czasopiśmie naukowych nie tylko wyznaczyły główny nurt badawczy, ale za sprawą własnych (wprowadzanych sukcesywnie) użytecznych narzędzi mogły stać się punktem odniesienia również dla innych naukowców. Wszystkie prace składające się na pozostałe osiągnięcia naukowo–badawcze zostały

zestawione w autoreferacie, obok prac stanowiących osiągnięcie naukowe, a następnie dokładnie omówione w świetle odpowiednio dobranego i aktualnego piśmiennictwa liczącego 41 pozycji. Do najważniejszych badań, które miały kluczowe znaczenie dla ukształtowania i umocnienia pozycji naukowej, Kandydat zaliczył: identyfikację domen białkowych wiążących białka Argonaute (Ago) warunkujących prawidłową regulację ekspresji genów w procesie interferencji RNA u roślin i zwierząt, badanie relacji ewolucyjnych genów na podstawie analizy kodowanych przez nie białek, a także tworzenie i rozwój ogólnodostępnych baz danych i aplikacji internetowych związanych z biologią molekularną. Pierwsze z tych badań zostały wykonane jeszcze przed uzyskaniem stopnia doktora, natomiast dwa kolejne już po ostatnim awansie. Na szczególne wyróżnienie zasługują prace, których efektem było utworzenie różnych użytecznych aplikacji internetowych, poświęconych konkretnym zagadnieniom biologii molekularnej, m.in. takim jak: identyfikacja i charakterystyka funkcjonalna genów ortologicznych czy też wyszukiwanie bakteriofagów infekujących określone przez użytkownika gatunki bakterii. Tworzenie narzędzi, które mogą być przydatne nie tylko w prowadzeniu badań własnych, ale również w pracach innych badaczy, wskazuje na zdolność do innowacji oraz może w istotny sposób przyczynić się do rozwoju i przyspieszenia postępów w danej dziedzinie.

Należy podkreślić, iż od samego początku, dr Andrzej Zieleziński wspierał swoją działalność naukową poprzez udział w projektach finansowanych ze środków zewnętrznych, w tym jeszcze przed uzyskaniem stopnia doktora jako kierownik grantu PRELUDIUM-2 NCN oraz już po ostatnim awansie jako kierownik grantu SONATA-14 NCN i wykonawca grantu OPUS NCN. Tematyka projektów była ściśle związana z zainteresowaniami oraz ze specjalizacją zawodową Habilitanta. Kandydat do stopnia naukowego powiększał swoją działalność także poprzez liczne kontakty oraz współpracę z naukowcami zajmującymi się podobną problematyką, co dodatkowo pozwoliło mu na zaangażowanie się w projekty badawcze o charakterze interdyscyplinarnym. Prowadzone badania posiadają niewątpliwie dużą wartość poznawczą, a dzięki tworzeniu i wykorzystywaniu łatwo dostępnych, intuicyjnych oraz wciąż rozwijanych narzędzi analitycznych znacząco podnoszą wymiar aplikacyjny prac z tego zakresu.

Potwierdzeniem przytoczonych faktów jest całościowy dorobek naukowy Kandydata, na który bez wyodrębnionych, powiązanych tematycznie, prac stanowiących osiągnięcie naukowe, składa się łącznie 28 publikacji indeksowanych w bazie Journal Citation Reports, w tym 26 oryginalnych prac twórczych oraz 2 rozdziały w monografiach naukowych. Wszystkie prace eksperymentalne są efektem działań zespołowych z wiodącym lub dużym udziałem Habilitanta, związanym przede wszystkim z nadzorowaniem i przeprowadzaniem analiz bioinformatycznych. Z kolei, rozdziały w monografiach naukowych stanowią cenny wkład Autora w aktualny stan wiedzy dotyczący podjętej problematyki, chociaż jednocześnie można zauważyć, że jest ich zdecydowanie za mało, nawet jeżeli

jedna spośród czterech publikacji wskazanych jako osiągnięcie naukowe ma charakter przeglądowy. Publikacje tego typu mogą w istotny sposób przyczynić się do prawidłowej analizy i interpretacji uzyskiwanych wyników badań własnych, stanowiąc tym samym istotne uzupełnienie osiągnięć naukowych każdego badacza. Dorobek uzupełnia w sumie 13 wystąpień na krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych, w tym 2 zostały zaprezentowane w ramach zaproszenia.

Podsumowując oceniany dorobek publikacyjny można stwierdzić, że jest on znaczący pod względem ilościowym i jakościowym, przy czym Habilitant jest pierwszym autorem jedynie w 9 spośród wymienionych prac (bez 4 stanowiących cykl powiązanych tematycznie publikacji), a jedynie w 4 występuje jako autor korespondencyjny. Potwierdzeniem wartości tego dorobku są jednak znaczące wskaźniki naukometryczne potwierdzające jego rozpoznawalność i uznanie w środowisku naukowym. Osiągnięty sumaryczny **IF** publikacji naukowych zgodny z rokiem opublikowania wynosi **155,359** ( $5IF_{2021} = 221,464$ ), łączna punktacja **MNiSW<sub>2023</sub>** sięga **3820**, natomiast **liczba cytowań** (bez autocytowań) w zależności od bazy danych wynosi od **657** do **1048**, zaś **Indeks Hirscha** według różnych baz danych mieści się w zakresie od **11** do **13**. Oczywiście powyższe wskaźniki pozwalają jedynie na dość ogólną ocenę wartości prezentowanego dorobku naukowego, ale jednocześnie mogą stanowić obiektywną podstawę do uznania dorobku publikacyjnego dr. Andrzeja Zielezińskiego za wartościowy i spełniający wymagania stawiane kandydatom ubiegającym się o stopień doktora habilitowanego. Całość dokonań naukowo-badawczych Habilitanta potwierdza również jego umiejętność przekładania wyników badań własnych na ich zastosowanie w praktyce oraz realną możliwość łączenia nauki z otoczeniem społecznym.

### **Ocena aktywności naukowej realizowanej w więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej**

W celu poszerzenia wiedzy i umiejętności zawodowych Habilitant odbył jeden miesięczny (od 15.06.2023 do 15.07.2023 r.) staż naukowy w Zakładzie Krystalochemii i Krystalofizyki Wydziału Chemii, na Uniwersytecie Jagiellońskim w Krakowie, podczas którego przeprowadził badania bioinformatyczne w zakresie identyfikacji i analizy porównawczej sekwencji L-asparaginaz w różnych jednostkach taksonomicznych, szczególnie w obrębie sekwencji białek z mikroorganizmów ekstremofilnych. W kontekście typowej ścieżki kariery naukowej wydaje się to dosyć skromnym osiągnięciem, tym bardziej, że zrealizowanym nie na początku lub w trakcie prowadzenia badań, a jedynie tuż przed złożeniem do oceny swojego osiągnięcia naukowego. Co prawda, zgodnie z deklaracją, otrzymane w trakcie stażu wyniki zostaną przedstawione we wspólnym artykule naukowym, obejmującym zarówno przewidywania bioinformatyczne, jak i weryfikację doświadczalną, jednakże taki



odosobniony staż nie dowodzi dużej aktywności Habilitanta realizowanej poza macierzystą jednostką. Należy jednak zaznaczyć, iż dr Andrzej Zieleziński w istotny sposób rozwija swoją działalność naukowo-badawczą przede wszystkim dzięki umiejętnemu nawiązywaniu współpracy, zarówno z krajowymi, jak i zagranicznymi jednostkami naukowymi. Przykładem takiej działalności jest współpraca z naukowcami reprezentującymi aż 10 zagranicznych ośrodków naukowych, a także uznanymi w swojej dziedzinie ekspertami. Oprócz prac bezpośrednio związanych z ocenianym osiągnięciem naukowym Kandydat prowadził również, w latach 2018–2022, międzynarodową i krajową współpracę dotyczącą innych problemów badawczych, w tym takich jak m.in.: wskazanie roli konkretnych genów kinaz w udoskonalaniu cech roślin uprawnych czy rekonstrukcja genomów kopalnych bakteriofagów z jelita ludzkiego, pochodzących z ostatnich 5000 lat.

Wyrazem zaufania i docenienia kwalifikacji naukowych Habilitanta było powierzenie mu recenzji 32 prac w czasopismach o zasięgu międzynarodowym, a także członkostwo w trzech międzynarodowych i krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych, takich jak: International Society for Computational Biology i Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne, chociaż działał w nich jedynie przez 2 lata, a także internetowy portal bioinformatyczny *BioStars*, w działalności którego uczestniczył od 2012 r.

Na podstawie ocenianej aktywności naukowej można ustalić, iż dr Andrzej Zieleziński wykazuje się aktywnością w rozwoju zawodowym współpracując zarówno z krajowymi, jak i zagranicznymi jednostkami badawczymi. Z sukcesem wykorzystuje pozyskaną wiedzę i umiejętności do wzbogacania własnego warsztatu badawczego, a także realizacji różnych projektów oraz publikowania artykułów naukowych. Wykazuje też dużą aktywność w dzieleniu się swoją wiedzą i doświadczeniem zwłaszcza z wykorzystaniem techniki komputerowej i Internetu.

### **Ocena osiągnięć dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę**

Obok aktywności naukowo-badawczej Habilitant jest mocno zaangażowany w prowadzenie zajęć dydaktycznych przeznaczonych dla studentów kierunków bioinformatyka i biotechnologia. Przedmioty związane głównie z bioinformatyką realizuje nieprzerwanie od 2014 r. na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu oraz Politechnice Poznańskiej. Od 2019 r. pełni funkcję promotora pomocniczego w postępowaniu o nadanie stopnia naukowego doktora. Jest promotorem i recenzentem wielu prac licencjackich i magisterskich, a także opiekunem naukowym projektu badawczego swojego magistranta, który otrzymał finansowanie w ramach programu „Perły Nauki” MNiSW w 2023 r. Ponadto, sprawował opiekę merytoryczną nad studentami odbywającymi praktyki zawodowe, jest również opiekunem naukowym Sekcji Bioinformatyki Koła Naukowego Przyrodników

UAM. Warto podkreślić, że Kandydat stara się angażować studentów w swoje prace badawcze, dzięki czemu ośmiu dyplomantów zostało współautorami sześciu publikacji, a w 2020 r. otrzymał Nagrodę *Praeceptor Laureatus* dla najlepszych dydaktyków na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, na podstawie najwyższych not uzyskanych w ankietach studenckich oceniających zajęcia dydaktyczne. Za swą wyróżniającą się aktywność naukową był wielokrotnie nagradzany zarówno przed, jak i po uzyskaniu stopnia doktora.

Jako przykład działalności organizacyjnej dr Andrzej Zieleziński wskazuje, poza kierowaniem projektami finansowanymi ze źródeł zewnętrznych, liczne funkcje zawodowe, w tym np. członkostwo w radach i zespołach organizacyjnych swojego Wydziału czy współorganizowanie wydarzeń edukacyjnych i promocyjnych. Z kolei, do osiągnięć związanych z popularyzowaniem nauki Pan Doktor zaliczył prowadzenie wykładów i ćwiczeń z zakresu bioinformatyki dla dzieci i młodzieży oraz projektowanie materiałów graficznych wykorzystywanych podczas wydarzeń promujących naukę. Bardzo kreatywnym wymiarem aktywności popularyzatorskiej Habilitanta jest także stworzenie internetowej gry naukowej pozwalającej osobom niezwiązanym z nauką na projektowanie sekwencji białek, które wirus może wykorzystać podczas infekcji. Jest to ciekawy i niekonwencjonalny, a zarazem atrakcyjny sposób na upowszechnianie wiedzy na dany temat, dosyć rzadko wykorzystywany przez naukowców w ich działaniach związanych z popularyzowaniem nauki.

### **Podsumowanie i wniosek końcowy**

W świetle przeprowadzonej oceny zarówno osiągnięcia habilitacyjnego, jak i całokształtu działalności naukowej, dydaktycznej, organizacyjnej oraz popularyzacyjnej, można potwierdzić, że Kandydat jest dobrze przygotowany do samodzielnej pracy naukowo-badawczej i spełnia warunki awansu naukowego. Opublikowane wyniki badań zawierają spójną i oryginalną koncepcję, wpływającą na **rozwój nauk ścisłych i przyrodniczych**. Na podkreślenie zasługuje także umiejętne łączenie nauki z praktyką oraz zaangażowanie w dzielenie się swoją wiedzą i doświadczeniem nie tylko z osobami związanymi z nauką.

**Biorąc powyższe pod uwagę stwierdzam, że dokonania Pana dr. Andrzeja Zielezińskiego, w tym zwłaszcza przedstawione osiągnięcie naukowe, są znaczące i spełniają wymogi ubiegania się o stopień doktora habilitowanego określone w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2023 r. poz. 742 ze zm.). Wnioskuje zatem do komisji habilitacyjnej, powołanej w dniu 24 listopada 2023 r. przez radę naukową dyscypliny nauki biologiczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, o dopuszcze-**

**nie Kandydata do dalszych etapów postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne.**

Szczecin, 25 stycznia 2024 r.

.....

dr hab. inż. Paweł Nawrotek, prof. ZUT