

Załącznik nr 4 do Zasad polityki kadrowej

**Arkusz dla kandydata ze stopniem dr. hab. na stanowisko profesora uczelni w grupie pracowników badawczych i badawczo-dydaktycznych**

**02-10-2024**

dr hab. inż. Tomasz Żok  
Wydział Informatyki i Telekomunikacji,  
Politechnika Poznańska

Dziedzina: Nauk inżynieryjno-technicznych  
Dyscyplina: Informatyka techniczna i telekomunikacja  
Specjalność: Bioinformatyka

2011: mgr                      2018: dr                      2022: dr hab.

**1. Kształcenie kadry**

	Obronione		Otwarte		prom. pomoc.	Recenzje	
	Kraj.	Zagr.	Kraj.	Zagr.		Kraj.	Zagr.
Dr			1				
Hab.						1	

**2. Dorobek publikacyjny lub w zakresie sztuki**

**Najważniejsze prace po habilitacji (artykuły/monografie/rozdziały) (maks. 5)**

	Cytowania		Pkt.
	Scopus	GS	
When Will RNA Get Its AlphaFold Moment? B. Schneider, B.A. Sweeney, A. Bateman, J. Cerny, <b>T. Żok</b> , M. Szachniuk. <i>Nucleic Acids Research</i> . 2023. 51(18):9522–9532. doi:10.1093/nar/gkad726	22	44	200
ONQUADRO: A Database of Experimentally Determined Quadruplex Structures. <b>T. Żok</b> , N. Kraszewska, J. Miskiewicz, P. Pielacinska, M. Zurkowski, M. Szachniuk. <i>Nucleic Acids Research</i> . 2022. 50(D1):D253–D258. doi:10.1093/nar/gkab118	18	23	200
RNAspider: A Webserver to Analyze Entanglements in RNA 3D Structures. K. Luwanski, V. Hlushchenko, M. Popenda, <b>T. Żok</b> , J. Sarzynska, D. Martsich, M. Szachniuk, M. Antczak. <i>Nucleic Acids Research</i> . 2022. 50(W1):W663–W669. doi:10.1093/nar/gkac218	6	9	200
RNAloops: A Database of RNA Multiloops. J. Wiedemann, J. Kaczor, M. Milostan, <b>T. Żok</b> , J. Blazewicz, M. Szachniuk, M. Antczak. <i>Bioinformatics</i> . 2022. 38(17):4200–4205. doi:10.1093/bioinformatics/btac484	6	9	200
WebTetrado: A Webserver to Explore Quadruplexes in Nucleic Acid 3D Structures. B. Adamczyk, M. Zurkowski, M. Szachniuk, <b>T. Żok</b> . <i>Nucleic Acids Research</i> . 2023. 51(W1):W607–W612. doi:10.1093/nar/gkad346	3	4	200

	Indeks Hirscha	Cytowania	Cyt. bez autocyt.
Scopus	16	1151	1003
Google Scholar (GS)	18	1622	

Liczba prac po habilitacji z listy MNiSW od 2019 r.

Autorskie	Współaut.	Pkt.					
7	3	1					
200	140	100	80	70	40	20	

Wykłady konferencyjne/wystawy na zaproszenie po habilitacji:

L.p.	Tytuł wykl., nazwa i miejsce konferencji/wystawy, czas
1	Quadruplex Visualization and Analytics, zaproszony wykład dla Molecure S.A., 06.2024

**3. Projekty badawcze, patenty, wdrożenia, wzory użytkowe**

**Projekty (np. UE, NCN, NCBiR, MNiSW...):**

Nazwa projektu i źródło finansowania	Rola	Lata	PLN tys.
Eksploracja motywów pętli wielokrotnych w strukturach RNA NCN SONATA	Kierownik	2024-2027	545
SERENITY - SpacE Data bRo-kEriNg optlmizaTion sYstem FNR & NCBiR POL-LUX	Wykonawca	2023-2025	2000
Eksploracja cech i modelowanie struktury kwadrupleksów NCN OPUS	Wykonawca	2020-2023	868
RNApolis – metody i algorytmy do modelowania i analizy struktur RNA NCN OPUS	Wykonawca	2017-2020	632
Rozwój bioinformatycznych modeli do analizy struktur 3D RNA w przestrzeni kątowej NCN PRELUDIUM	Kierownik	2017-2018	44
Automatyczne, wysokoprępowe modelowanie struktur przestrzennych RNA NCN MAESTRO	Wykonawca	2013-2016	2844

**Projekty we współpracy z przemysłem / instytucjami, projekty architektoniczne, urbanistyczne lub osiągnięcia w zakresie sztuki:**

Nazwa projektu/Sponsor/klient	Rola	Lata	PLN tys.
Analiza struktury RNA w komórce i jej kompartmentach w skali transkryptomowej oraz identyfikacja wpływu czynników komórkowych na strukturę RNA w <i>S. Cerevisiae</i> . NCN OPUS / IChB PAN	Wykonawca	2021-2025	1945
Integrating and Managing Services for the European Open Science Cloud H2020-EU / PCSS	Wykonawca	2018-2020	€ 582
INDIGO-DataCloud. Integrating Distributed Data Infrastructures for Global ExpLOitation H2020-EU / PCSS	Wykonawca	2015-2017	€ 606
EUROfusion. Implementation of Activities Described in the Road-	Wykonawca	2014-2020	€ 1263

map to Fusion During Horizon 2020 Through a Joint Programme of the Members of the EUROfusion Consortium H2020-Euratom / PCSS			
EGI-InSPIRE. European Grid Initiative: Integrated Sustainable Pan-European Infrastructure for Researchers in Europe FP7-INFRA / PCSS	Wykonawca	2010-2014	€ 111

Patenty	PP			Inna firma		
	PL	EU+US	Inne	PL	EU+US	Inne
Otrzymane razem	-	-	-	-	-	-
Otrzymane po hab.	-	-	-	-	-	-
Wdroż./sprzedane razem	-	-	-	-	-	-
Wdroż./sprzed. po hab.	-	-	-	-	-	-

#### 4. Staże naukowe lub przemysłowe

- Udział w dwutygodniowych warsztatach, na zaproszenie organizatorów, *Centro de Ciencias, Benasque*, Hiszpania, 2015, 2018, 2022
- Wizyta studyjna w celu przygotowania wniosku grantowego w polsko-niemieckim konkursie Beethoven Life, *Saxony Institute for Computational Intelligence and Machine Learning, Mittweida*, Niemcy, 2018
- Wizyta studyjna w ramach WPCD Code Camp w projekcie EUROfusion, *Barcelona Supercomputing Center*, Hiszpania 2019
- Wizyta studyjna w ramach WPCD Code Camp w projekcie EUROfusion, *Innsbruck*, Austria, 2018

#### 5. Organizacja nauki

##### Pełnione funkcje na Uczelni:

- Członek komisji doktorskiej i egzaminator z dyscypliny podstawowej w przewodzie doktorskim Radosława Piliszka, 2024
- Członek komisji w postępowaniu rekrutacyjnym do Szkoły Doktorskiej PP, 2022
- Członek Rady Dyscypliny, od 2022

##### Pełnione funkcje poza Uczelnią:

- Członek *Editorial Board* czasopisma BMC Bioinformatics, od 2024
- Recenzent prac dyplomowych w konkursach PTI oraz PTBi, od 2018
- Recenzent ponad 30 artykułów naukowych
- Członkostwo w następujących towarzystwach naukowych:
  - Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne, od 2011
  - EURO Working Group on Operations Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine, od 2012

- RNA Society, od 2016
- European Chapter on Combinatorial Optimization, od 2018
- G4 Society, od 2020
- International Society for Computational Biology, od 2022

#### Działalność organizacyjna:

- Członek komitetu organizacyjnego i programowego. Jesienne Warsztaty dla Doktorantów Bioinformatyki pod patronatem Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, on-line, 2020
- Organizator i przewodniczący sesji. European Conference on Operational Research, Dublin, Irlandia, 2019
- Organizator i przewodniczący sesji. ICOLE: Perspectives of Bioinformatics, Operations Research and Machine Learning, Lessach, Austria, 2018
- Członek komitetu organizacyjnego. Sympozjum Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, Uniejów, Polska, 2017
- Członek komitetu organizacyjnego. EURO WG Conference on Operational Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine, Biedrusko, Polska, 2014

#### 6. Osiągnięcia dydaktyczne

Tytuły **wykładów najwyżej ocenianych przez studentów** (wraz z ocenami uzyskanymi w minimum dwóch ostatnich ankietach studenckich oraz liczbami studentów biorących udział w ankiecie):

- Architektura systemów komputerowych z programowaniem niskopoziomym (sztuczna inteligencja)
  - 2022/2023: 10/56 (18%) ocena 4.8
  - 2021/2022: 29/58 (50%) ocena 4.81
- Wprowadzenie do informatyki (sztuczna inteligencja)
  - 2023/2024: 13/76 (17%) ocena 4.65
  - 2022/2023: 13/61 (21%) ocena 4.65

##### Liczba wypromowanych dyplomantów:

- Przed habilitacją: 2x lic. bioinformatyka
- Po habilitacji: 5x lic. bioinformatyka, 1x inż. informatyka, 3x mgr – informatyka, sztuczna inteligencja, bioinformatyka

##### Publikacje współautorskie ze studentami:

1. RNAtango: analysing and comparing RNA 3D structures via torsional angles. M. Mackowiak, B. Adamczyk, M. Szachniuk, **T. Zok**. PLoS Computational Biology. 2024. 20:e1012500  
[doi:10.1371/journal.pcbi.1012500](https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1012500)

2. WebTetrado: A Webserver to Explore Quadruplexes in Nucleic Acid 3D Structures. B. Adamczyk, M. Zurkowski, M. Szachniuk, **T. Zok**. *Nucleic Acids Research*. 2023. 51(W1):W607–W612. [doi:10.1093/nar/gkad346](https://doi.org/10.1093/nar/gkad346)
3. ONQUADRO: A Database of Experimentally Determined Quadruplex Structures. **T. Zok**, N. Kraszewska, J. Miskiewicz, P. Pielacinska, M. Zurkowski, M. Szachniuk. *Nucleic Acids Research*. 2022. 50(D1):D253–D258. [doi:10.1093/nar/gkab1118](https://doi.org/10.1093/nar/gkab1118)
4. RNAspider: A Webserver to Analyze Entanglements in RNA 3D Structures. K. Luwanski, V. Hlushchenko, M. Popena, **T. Zok**, J. Sarzynska, D. Martsich, M. Szachniuk, M. Antczak. *Nucleic Acids Research*. 2022. 50(W1):W663–W669. [doi:10.1093/nar/gkac218](https://doi.org/10.1093/nar/gkac218)
5. RNAloops: A Database of RNA Multiloops. J. Wiedemann, J. Kaczor, M. Milostan, **T. Zok**, J. Blazewicz, M. Szachniuk, M. Antczak. *Bioinformatics*. 2022. 38(17):4200–4205. [doi:10.1093/bioinformatics/btac484](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btac484)
6. Entanglements of Structure Elements Revealed in RNA 3D Models. M. Popena, **T. Zok**, J. Sarzynska, A. Korpeta, R. Adamiak, M. Antczak, M. Szachniuk. *Nucleic Acids Research*. 2021. 49(17):9625–9632. [doi:10.1093/nar/gkab716](https://doi.org/10.1093/nar/gkab716)
7. RNAthor – 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](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239287)
8. New Models and Algorithms for RNA Pseudoknot Order Assignment. **T. Zok**, J. Badura, S. Swat, K. Figurski, M. Popena, M. Antczak. *International Journal of Applied Mathematics and Computer Science*. 2020. 30(2):315–324. [doi:10.34768/amcs-2020-0024](https://doi.org/10.34768/amcs-2020-0024)
9. RNAfitme: A Webserver for Modeling Nucleobase and Nucleoside Residue Conformation in Fixed-Backbone RNA Structures. M. Antczak, **T. Zok**, M. Osowiecki, M. Popena, R.W. Adamiak, M. Szachniuk. *BMC Bioinformatics*. 2018. 19(1):304. [doi:10.1186/s12859-018-2317-9](https://doi.org/10.1186/s12859-018-2317-9)
10. New Functionality of RNAComposer: Application to Shape the Axis of miR160 Precursor Structure. M. Antczak, M. Popena, **T. Zok**, J. Sarzynska, T. Ratajczak, K. Tomczyk, R.W. Adamiak, M. Szachniuk. *Acta Biochimica Polonica*. 2017. 63(4): [doi:10.18388/abp.2016\\_1329](https://doi.org/10.18388/abp.2016_1329)

#### Nagrodzone prace dyplomowe:

- Promotor pracy inż., która została nagrodzona przez Polskie Towarzystwo Informatyczne (drugie miejsce) oraz Polskie Towarzystwo Bioinformatyczne (pierwsze miejsce)

#### Przygotowanie i koordynowanie przedmiotów:

- Bioinformatyka strukturalna (laboratorium)
- Computer architecture with low-level programming (wykład, laboratorium)
- Systemy chmurowe (laboratorium)
- Metody statystyczne w bioinformatyce strukturalnej (wykład, laboratorium)
- Wizualizacja strukturalna (wykład, laboratorium)
- Introduction to computing (wykład, laboratorium)

#### Popularyzacja nauki:

- Ukończone szkolenie dla popularyzatorów z zakresu komunikacji naukowej zorganizowanego przez Stowarzyszenie Rzecznicy Nauki, 2019
- Uczestnik SCS Wikipedia Hackathon 2021 zorganizowanym przez International Society for Computational Biology

## 7. Inne osiągnięcia

#### Nagrody i wyróżnienia:

- Stypendium Ministra Edukacji i Nauki dla wybitnych młodych naukowców 2021–2024
- Nagroda naukowa Rektora PP, 2021, 2022, 2023
- Nagroda dydaktyczna Rektora PP, 2023
- Nagroda za plakat przedstawiony podczas konferencji RNA Society Meeting, 2021
- Nagroda zespołowa II stopnia Rektora Politechniki Poznańskiej za wybitne osiągnięcia naukowe i dydaktyczne w 2018 roku, 2019
- Wyróżnienie w konkursie „Nagroda Miasta Poznania za wyróżniającą się pracę doktorską”, 2019
- Wyróżnienie pracy doktorskiej uchwałą Rady Wydziału Informatyki Politechniki Poznańskiej, 2019
- Stypendium Naukowe Miasta Poznania, 2016

#### Na podstawie Scopus SciVal:

- 7 publikacji w top 10% najczęściej cytowanych publikacji na świecie
- 21 publikacji w 10% najlepszych czasopism według CiteScore
- 72.7% publikacji w czasopismach z Q1

- 48% publikacji we współpracy międzynarodowej