prof. dr hab. Dorota Bielińska-Wąż
Zakład Informatyki Radiologicznej i Statystyki
Gdański Uniwersytet Medyczny

Gdańsk, 28 sierpnia 2026

Recenzja wniosku dra Marcina Tabaki o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne

1 Podstawa prawna

Niniejsza recenzja jest opracowana na podstawie Art. 219 ust. 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce:
https://isap.sejm.gov.pl/isap.nsf/download.xsp/WDU20180001668/U/D20181668Lj.pdf
(dostęp 16 sierpnia 2026).

Zgodnie z tymi przepisami
„Art. 219. 1. Stopień doktora habilitowanego nadaje się osobie, która:
1) posiada stopień doktora;
2) posiada w dorobku osiągnięcia naukowe albo artystyczne, stanowiące znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny, w tym co najmniej:

a) 1 monografię naukową wydaną przez wydawnictwo, które w roku opublikowania monografii w ostatecznej formie było ujęte w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art. 267 ust. 2 pkt 2 lit. a, lub

b) 1 cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych opublikowanych w czasopismach naukowych lub w recenzowanych materiałach z konferencji międzynarodowych, które w roku opublikowania artykułu w ostatecznej formie były ujęte w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art. 267 ust. 2 pkt 2 lit. b, lub

c) 1 zrealizowane oryginalne osiągnięcie projektowe, konstrukcyjne, technologiczne lub artystyczne;

3) wykazuje się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.
2. Osiągnięcie, o którym mowa w ust. 1 pkt 2, może stanowić część pracy zbiorowej, jeżeli opracowanie wydzielonego zagadnienia jest indywidualnym wkładem

osoby ubiegającej się o stopień doktora habilitowanego.
3. Obowiązek publikacji nie dotyczy osiągnięć, których przedmiot jest objęty ochroną informacji niejawnych."

2 Przebieg kariery naukowej i zawodowej Kandydata

Kandydat ukończył studia wyższe na Uniwersytecie Jagiellońskim, Wydział Chemii, w roku 2004 uzyskując tytuł magistra chemii teoretycznej (Tytuł pracy magisterskiej: *Information processing in nonlinear chemical systems*).

W roku 2009 uzyskał stopień doktora nauk chemicznych w zakresie chemii fizycznej, Instytut Chemii Fizycznej, Polska Akademia Nauk (Tytuł rozprawy doktorskiej: *Regulation of trp operon in E. coli*).

W latach 2010-2014 odbył staż podoktorski (Biologia Matematyczna) w Instytucie Chemii Fizycznej, Polska Akademia Nauk, Grupa Prof. dra hab. Roberta Hołysta.

Kolejny staż podoktorski, odbył w latach 2014-2019 (Genomika Pojedynczej Komórki) w Broad Institute of MIT and Harvard, Regev Lab.

Od roku 2020 Kandydat jest kierownikiem grupy badawczej: Grupa Genomiki Obliczeniowej, Międzynarodowe Centrum Badań Oka, Instytut Chemii Fizycznej, Polska Akademia Nauk.

3 Posiadanie stopnia doktora

Kandydat na podstawie przedstawionej rozprawy doktorskiej *Regulation of trp operon in E. coli* oraz po złożeniu wymaganych egzaminów uzyskał stopień naukowy doktora nauk chemicznych nadany uchwałą Rady Naukowej Instytutu Chemii Fizycznej Polskiej Akademii Nauk z dnia 14 grudnia 2009 roku.

4 Osiągnięcie Naukowe

Jako Osiągnięcie Naukowe, spełniające wymogi ustawowe, Kandydat przedstawia cykl dziesięciu powiązanych tematycznie artykułów opublikowanych w czasopismach naukowych, zatytułowany *Wieloskalowe modelowanie i analiza regulacji ekspresji genów na poziomie pojedynczych komórek.* Publikacje te, oznaczone przez Kandydata jako [H1]-[H10], stanowią główny, choć nie jedyny, przedmiot niniejszej oceny.

Kandydat w swoim autoreferacie podsumowuje Osiągnięcie:
Przedstawiony cykl publikacji poświęcony jest obliczeniowej i ilościowej analizie regulacji ekspresji genów z rozdzielczością pojedynczej komórki. Główną myślą przewodnią jest teza, że zmienność biologiczna nie stanowi jedynie szumu wokół stanu średniego, lecz jest informatywną i mechanistycznie ustrukturyzowaną właściwością systemów żywych. Prace stanowiące Osiągnięcie obejmują trzy powiązane

ze sobą obszary: stochastyczną ekspresję genów w minimalnych układach regulatorowych [H1-H2]; fizyczne ograniczenia nakładane na regulację przez zatłoczenie makromolekularne oraz proces poszukiwania miejsc regulatorowych genów przez czynniki transkrypcyjne [H3-H7]; a także całogenomową, jedno- i wielomodalną analizę procesów rozwojowych i chorobowych na poziomie pojedynczych komórek [H8-H10].

Pierwszy obszar dotyczy mechanistycznych podstaw zmienności międzykomórkowej w prostych układach regulacji genów. Kandydat pokazuje, że stochastyczność jakościowo kształtuje ich zachowanie - dowodzi, że bimodalna ekspresja genu może zachodzić nawet w minimalnych układach otwartej pętli, bez kooperatywnego wiązania czynników transkrypcyjnych, co wynika z nieliniowej transformacji fluktuacji wejściowych przez regulatorową funkcję przejścia [H1]. Badania te ujawniają też, że przeciek transkrypcyjny i pulsacyjna synteza czynnika stanowią przeciwstawne parametry kontrolne w genach autoregulowanych: większa fluktuacja sprzyja odpowiedziom binarnym, a przeciek umożliwia powrót do charakterystyki stopniowej [H2]. Łącznie wyniki wskazują, że zmienność biologiczna jest nie tylko skutkiem regulacji, ale też jednym z jej parametrów projektowych.

Drugi obszar badawczy poszerza tę perspektywę, podejmując pytanie o fizyczne ograniczenia, jakie wnętrze komórki nakłada na kinetykę procesów regulatorowych. Kontrola genów wymaga bowiem, by czynniki transkrypcyjne odnalazły swoje specyficzne miejsca wiązania na DNA w zatłoczonym środowisku wewnątrzkomórkowym, gdzie o czasie i precyzji regulacji decydują takie procesy, jak dyfuzja, niespecyficzne wiązanie z DNA, ślizganie się wzdłuż nici oraz wielokrotne zdarzenia reasocjacji. Kandydat wprowadza do tych zagadnień ilościowe modele zatłoczenia makromolekularnego w kontekście bakteryjnej regulacji genów, ukazując, jak zatłoczenie modyfikuje zarówno trójwymiarową dyfuzję w cytoplazmie, jak i jednowymiarowe ślizganie się po DNA [H3]. Opracowany w ten sposób aparat analityczny wyjaśnia czasy poszukiwania miejsc specyficznych, przewiduje kinetykę dla całego zestawu znanych czynników transkrypcyjnych *Escherichia coli* i wskazuje, że represor LacI działa w warunkach zbliżonych do optymalnych [H3]. W powiązanych publikacjach Kandydat opracowuje ogólną metodę odwzorowania kinetyki asocjacji, opartą na lepkości zależnej od skali przestrzennej oraz potencjałach oddziaływań międzycząsteczkowych [H4, H5]. Ponadto Kandydat rozdziela względne role ślizgania i przeskakiwania w procesie poszukiwania miejsc specyficznego wiązania przez LacI [H6], a także identyfikuje region zawiasowy tego białka jako istotny wyznacznik niespecyficznego wiązania z DNA i wydajnej dyfuzji wspomaganej [H7]. W świetle tych ustaleń środowisko wewnątrzkomórkowe jawi się nie jako bierne tło, lecz jako aktywny regulator kinetyki molekularnej.

Trzeci obszar badawczy przesuwa akcent z modeli pojedynczych genów i białek na całogenomową analizę złożonych populacji komórkowych. Ze względu na wielowarstwową regulację ekspresji genów u ssaków (chromatyna, transkrypcja, sygnalizacja), bezpośrednie modelowanie całego układu jest niewykonalne. Sekwencjo-

nowanie pojedynczych komórek umożliwia rekonstrukcję stanów i przejść komórkowych. Kandydat wykorzystał gęste serie czasowe danych scRNA-seq z procesu reprogramowania do wnioskowania o liniach rozwojowych komórek. Pozwoliło to odkryć szerszy krajobraz alternatywnych losów komórkowych oraz zidentyfikować czynnik zwiększający wydajność tego procesu [H8]. W immunologii nowotworów wykazał, że białko TIM-3 oddziałuje głównie przez komórki dendrytyczne, co wiąże się z aktywacją inflamasomu i utrzymaniem przeciwnowotworowych stanów limfocytów; wskazał też mechanizm cytokinowy kluczowy dla odpowiedzi przeciwnowotworowej [H9]. Ostatecznie opracował narzędzie Ocelli - oparte na dyfuzji podejście do wielomodalnych danych, integrujące pomiary transkryptomiczne i epigenomiczne w niskowymiarowe reprezentacje, umożliwiające czułą wizualizację trajektorii, analizę subtrajektorii i wielomodalną imputację [H10].

Analizując metody obliczeniowe zastosowane w tym cyklu publikacji, wyraźnie dostrzegalna jest ich ewolucja - od modeli analitycznych w stronę metod bioinformatycznych i obliczeniowej biologii systemów. Publikacje [H1-H7], opublikowane w latach 2010-2016, opierają się głównie na modelowaniu matematycznym, symulacjach Monte Carlo, dynamice molekularnej oraz hybrydowych metodach obliczeniowych. Z kolei artykuły [H8-H10], powstałe w latach 2019-2025, reprezentują wyraźne przesunięcie w kierunku analizy dużych zbiorów danych biologicznych, z wykorzystaniem zaawansowanych narzędzi matematycznych (optymalny transport) oraz uczenia maszynowego.

Szczególnie w [H10] zaprezentowano narzędzie Ocelli, które łączy modelowanie tematyczne (*topic modeling*) z wykorzystaniem algorytmu LDA (*Latent Dirichlet Allocation*) oraz multimodalne mapy dyfuzyjne (*Multimodal Diffusion Maps*, MDM). Tym samym mamy tu do czynienia z połączeniem metod uczenia maszynowego i metod statystycznych.

W mojej ocenie, naturalnym, lecz dotychczas niewykorzystanym przez Kandydata kierunkiem rozwoju stosowanych metod obliczeniowych mogłoby być eksplorowanie metod statystyki odpornej (*robust statistics*), które zwiększają stabilność estymacji w obecności obserwacji odstających - problemu szczególnie istotnego w dużych zbiorach danych o złożonej strukturze szumu. Uważam, że takie połączenie pozwoliłoby na tworzenie bardziej predykcyjnych, wszechstronnych i odpornych na zakłócenia narzędzi do badania złożoności biologicznej.

Analizując dane bibliometryczne, w ramach prezentowanego Osiągnięcia, Kandydat jest pierwszym autorem w czterech artykułach ([H3]-[H6]). Żaden z dziesięciu artykułów nie jest jednak pracą samodzielną - liczba współautorów jest zróżnicowana: trzy artykuły są dwuautorskie ([H1], [H2] i [H10]), dwa mają trzech autorów ([H3], [H6]), jeden - czterech ([H4]), jeden - pięciu ([H5]), jeden - ośmiu ([H7]), jeden - dziesięciu ([H9]), a jeden - aż siedemnastu ([H8]).

Niektóre publikacje wieloautorskie wymagają osobnego komentarza. Zarówno w autoreferacie, jak i w samych artykułach, deklarowany jest równy wkład niektórych współautorów. W przypadku dwuautorskich prac [H1] i [H2], w których Kandy-

dat jest drugim autorem, zadeklarowano równy udział obojga badaczy, co pozwala uznać, że jego rola jest w praktyce porównywalna z funkcją pierwszego autora - tradycyjnie kojarzoną z największym wkładem. Podobnie w publikacji [H8] (17 autorów) zaznaczono równy udział czterech pierwszych autorów, przy czym Kandydat wymieniony jest na trzecim miejscu.

Należy jednak mieć na uwadze, że w pracach wieloautorskich indywidualny wkład poszczególnych uczestników projektu jest z natury mniejszy - nawet przy deklarowanej równości podlega on podziałowi na wszystkich współtwórców. Z drugiej strony, połączenie kompetencji wielu badaczy umożliwia powstanie artykułów znacznie bogatszych pod względem merytorycznym i metodycznym. To właśnie takie wieloautorskie, interdyscyplinarne spojrzenie zaowocowało wyjątkowym oddziaływaniem dwóch publikacji opublikowanych w bardzo renomowanych czasopismach: [H8] w *Cell* w 2019 r. (530 cytowań na dzień 18 listopada 2025 r.) oraz [H9] w *Nature* w 2021 r. (278 cytowań na ten sam dzień). Nawet po uwzględnieniu dużej liczby współautorów, wkład przypadający na pojedynczego badacza w tych dwóch pracach pozostaje wysoki.

Przez lata dużą wagę przywiązywano do kolejności autorów jako miary ich wkładu (o ile nie jest to porządek alfabetyczny). Choć kolejność alfabetyczna z założenia nie ma nic wspólnego z wielkością wkładu, zdarza się, że ten porządek przypadkowo pokrywa się z faktycznym udziałem autorów. W przypadku Kandydata nie odnajdujemy jednak publikacji ustawionych według klucza alfabetycznego.

W ostatnim czasie pewne znaczenie przypisuje się także autorstwu korespondencyjnemu, o ile nie ma wymogu publikowania adresów e-mail wszystkich autorów. Kandydat w autoreferacie wskazuje cztery swoje autorstwa korespondencyjne: [H2], [H4], [H5] i [H10]. Praca [H2] jest dwuautorska, z równym wkładem obojga autorów; w publikacji widnieją ponadto dwa adresy e-mail bez wyróżnienia któregokolwiek z autorów, zatem to autorstwo korespondencyjne nie wnosi dodatkowego wkładu. W czteroosobowej publikacji [H4] Kandydat jest pierwszym autorem, natomiast w artykule podano dwa adresy e-mail (jeden Kandydata, a jeden ostatniego autora) - autorstwo korespondencyjne przypisane ostatniemu z autorów wzmacnia zatem jego udział, tym samym względnie osłabiając pozycję Kandydata. W pierwszoautorskiej pracy [H5] aż trzech spośród autorów wymienionych jest jako korespondencyjni. Jedynie w dwuautorskiej publikacji [H10], w której Kandydat jest drugim w kolejności autorem, autorstwo korespondencyjne podnosi rangę jego wkładu.

W mojej ocenie ustawowy warunek związany z indywidualnym wkładem Kandydata do Osiągnięcia jest spełniony. Na przykład w publikacji [H10] Kandydat wskazuje, że przeprowadził pełne analizy bioinformatyczne: od gromadzenia, mapowania i filtrowania danych, przez wizualizację i klastrowanie, po przygotowanie macierzy ekspresji oraz powiązanych metadanych. Zidentyfikował geny o różnicowej ekspresji i sygnatury genowe, obliczył wartości wzbogacenia oraz przeanalizował oddziaływania międzykomórkowe. Przygotował także konkretne rysunki, wskazując które, współredagował fragmenty manuskryptu dotyczące przeprowadzonych

przez siebie analiz i metodologii, a także odpowiadał za przygotowanie danych i ich deponowanie w bazie GEO.

Podsumowując, Kandydat wraz ze współautorami szczegółowo określił swój indywidualny wkład w każdą z publikacji. Choć nie we wszystkich artykułach widnieje on jako pierwszy (i w żadnej jako jedyny) autor, przedstawiony w ramach Osiągnięcia dorobek naukowy oceniam jako znaczący. Jednym z wymiernych dowodów na jego istotność jest łączna liczba cytowań tych dziesięciu publikacji, wynosząca 1060 (według Web of Science na dzień 18 listopada 2025 r.).

5 Klasyfikacja osiągnięć naukowych w ramach wnioskowanej dziedziny i dyscypliny

Klasyfikując przedstawione Osiągnięcie w ramach wnioskowanej dziedziny i dyscypliny, należy podkreślić jego wyraźnie interdyscyplinarny charakter. Cykl obejmuje bowiem zagadnienia z biologii molekularnej, biofizyki, bioinformatyki oraz biologii obliczeniowej. Mimo szerokiego spektrum metodologicznego, Osiągnięcie to - zarówno pod względem stawianych pytań badawczych, jak i interpretacji wyników - zasadniczo pozostaje osadzone w dyscyplinie nauki biologiczne (dziedzina nauk ścisłych i przyrodniczych). Zastosowane narzędzia matematyczne i obliczeniowe umożliwiają opis, przewidywanie i testowanie hipotez dotyczących żywych systemów. W ramach dostępnej polskiej klasyfikacji Kandydat wybrał najwłaściwszą opcję.

6 Aktywność naukowa realizowana w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej

Kandydat prowadził badania naukowe w Instytucie Chemii Fizycznej Polskiej Akademii Nauk (Warszawa) oraz w Broad Institute of MIT and Harvard (USA).

W szczególności, uzyskał stopień doktora w Instytucie Chemii Fizycznej Polskiej Akademii Nauk.

Obecnie, Kandydat jest zatrudniony w Międzynarodowym Centrum Badań Oka Instytutu Chemii Fizycznej Polskiej Akademii Nauk.

W swoim dorobku ma także krótkoterminowe pobyty badawcze - Faculty of Mathematics and Computer Science, Weizmann Institute of Science, Rechowot (Izrael, styczeń-kwiecień 2015) oraz w ReMedy - Centrum Nowych Technologii Uniwersytetu Warszawskiego (październik 2019 - maj 2020). Ponadto współpracował z przemysłem jako konsultant w Decibel Therapeutics Inc. w USA (2019-2021).

W załaczonych dokumentach Kandydat wymienia następujące osiągnięcia:

- Przyznane patenty i zgłoszenia patentowe

1. Kuchroo, V.K., Dixon, K., Tabaka, M., Regev, A. *Tim-3 modulates anti-tumor immunity by regulating inflammasome activation*. International Patent Application, US20240262909A1.
2. Rutkowski, P., Tabaka, M. *Method for visualization of developmental landscapes from single-cell multimodal data*. Patent application EP 22461540.1.
3. Schiebinger, G., Shu, J., Tabaka, M., Cleary, B., Rigollet, P., Regev, A., Lander, E.S. *Methods and systems for reconstruction of developmental landscapes by optimal transport analysis*. International Patent Application, PCT/US2018/051808.
4. Lewandrowska, A., Majcher, A., Tabaka, M., Ochab-Marcinek, A., Hołyst, R. *Sposób wyznaczania współczynnika dyfuzji D substancji chemicznej w buforze TRIS. A method for determination of the diffusion coefficient D of a chemical substance in TRIS buffer*. Patent application (in Polish) no. P-400322 (10.8.2012), granted (4.12.2014).

- Finansowanie projektów badawczych

1. Finansowanie podstawowe:
   a. Projekt Międzynarodowe Centrum Badań Oka (MAB/2019/12), realizowany w ramach programu Międzynarodowe Agendy Badawcze Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej, współfinansowanego przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego. 2020-2023. Rola: kierownik grupy (PI) - Grupa Genomiki Obliczeniowej.
   b. Międzynarodowe Centrum Badań Oka, MAB II (FENG.02.01-IP.05-T005/23). 2024-2028. Rola: kierownik grupy (PI) - Grupa Genomiki Obliczeniowej.
2. Comprehensive, multimodal profiling of chromatin states and gene expression in single cells. Sonata Bis 12, Narodowe Centrum Nauki. 2023-2028. Rola: PI.
3. Breakthrough single-cell profiling method for cancer research. Nauka dla Społeczeństwa II. Ministerstwo Nauki. 2024-2027. Rola: PI.
4. Ultra-high-throughput multimodal single-microbe profiling to study microbiome. OPUS 28, Narodowe Centrum Nauki. 2025-2029. Rola: PI.
5. Cancer research and infrastructure support. Fundacja hr. Jakuba Potockiego. 2024-2026. Rola: PI.
6. Spatial Determinants of Immunotherapy Resistance in Cancer. WEAVE-UNISONO z prof. Alfred Zippeliusem i dr Karen Dixon, Department of Biomedicine, University of Basel. 2024-2027. Rola: PI (Część realizowana w Polsce).
7. Mesoscopic, kinetic model of trp operon regulation. Iuventus-Plus, Ministerstwo Nauki. 2011-2012. Rola: PI.

8. Benchmarking Human Tissue Culture Systems that Mimic the Tumor Microenvironment. OPUS 21. Narodowe Centrum Nauki. Wspólny projekt z Matthias Nees, Adolfo Rivero-Muller (Uniwersytet Medyczny w Lublinie), oraz Tomasz Kaminski (Wydział Biologii, UW). 2022-2026. Rola: Co-PI.
9. The effect of Western diet modified with vegetable oils on the healing process of skin wounds in mice. OPUS 25. Wspólny projekt z dr hab. Joanną Wiśniewską (InLife Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności Polskiej Akademii Nauk, Olsztyn). 2024-2027. Rola: Co-PI.

- Granty NCN członków kierowanej przez Kandydata grupy badawczej

1. Piotr Rutkowski: Topic modeling for multimodal single-cell data, Preludium, Narodowe Centrum Nauki. 2023-2025. Rola: Opiekun naukowy.
2. Stefania Robakiewicz: Screening of HDAC Inhibitors with Single-Cell Transcriptome and Epigenome Readouts, Miniatura, Narodowe Centrum Nauki.
3. Natalia Ochocka-Lewicka: Interrogation of the antigen presentation dynamics via MHCII in tumor immune evasion through multimodal single-cell sequencing, Sonatina 8. 2024-2027, Narodowe Centrum Nauki.

- Nagrody i wyróżnienia

1. Finansowanie działalności naukowej przyznane przez Fundację im. Jakuba hr. Potockiego, 2024.
2. I nagroda w konkursie na najlepszą publikację roku 2010 (IChF PAN) za pracę: *Bimodal gene expression in noncooperative regulatory systems*, 2011.
3. Nagroda w konkursie *Młodzi pracownicy nauki IChF PAN za publikacje z ostatnich 3 lat*, 2011.
4. Grant Iuventus Plus Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego pt. *Mezoskopowy, kinetyczny model regulacji operonu trp*, 2011.
5. Stypendium programu Master Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej, 2007-2009.

Kandydat uczestniczy również w kształceniu młodej kadry, pełniąc funkcję promotora pomocniczego kilku doktorantów oraz sprawując opiekę nad magistrantami.

W obszarze oceny naukowej recenzował artykuły dla czasopism międzynarodowych: PNAS, Bioinformatics, The Journal of Physical Chemistry, BMC Systems Biology, Biochemical and Biophysical Research Communications, Scientific Reports, Current Research in Biotechnology, F1000Research i GigaScience. Był też recenzentem wniosku projektowego złożonego do Innovation and Technology Commission rządu HKSAR.

Swoją działalność naukową uzupełnia o liczne referaty wygłaszane podczas konferencji.

Podsumowując, należy uznać, że warunek prowadzenia aktywności naukowej w więcej niż jednej instytucji został spełniony. Kandydat realizował tę aktywność w różnych formach, a jej zwieńczeniem są publikacje naukowe. Pierwsza z 38 publikacji Kandydata pochodzi z 2008 roku; kolejne ukazywały się systematycznie w następnych latach, w tym również prace z afiliacją Klarman Cell Observatory w Broad Institute of MIT and Harvard (Cambridge, MA, USA) - przykładowo artykuł w Nature Genetics z 2018 r. (50(8):1140-1150). Z kolei najnowsze publikacje Kandydata posiadają już polskie afiliacje.

7 Dane o dorobku naukowym

W swoim autoreferacie Kandydat zestawia następujące osiągnięcia naukowe:

- Liczba publikacji: 38
- Liczba publikacji po uzyskaniu stopnia doktora: 35
- Łączna liczba cytowań: 3704
- Łączna liczba cytowań bez autocytowań: 3661
- Średnia liczba cytowań na publikację: 97,47
- Łączny Impact Factor (2024): 616,5
- Średni Impact Factor (2024): 16,2
- Łączny pięcioletni Impact Factor: 724,4
- Średni pięcioletni Impact Factor: 19,0
- Indeks Hirscha: 23 (Web of Science), 23 (Scopus), 24 (Google Scholar)
- Liczba patentów (przyznanych / zgłoszonych): 4
- Liczba projektów badawczych realizowanych w charakterze kierownika: 6

Dane według bazy Web of Science (Web of Knowledge przed 2014 r.); stan na 18.11.2025 r.

W niniejszej recenzji nie posługuję się łącznym ani średnim Impact Factor (IF) jako miarą oceny dorobku. IF dla danego roku jest wypadkową liczby cytowań, jakie artykuły danego czasopisma uzyskały w ciągu dwóch poprzedzających lat. Przykładowo, IF czasopism matematycznych jest znacząco niższy niż IF czasopism biomedycznych w tym samym kwartylu - co nie wynika z jakości publikowanych tam prac, lecz z różnic w liczebności środowisk badawczych (większa populacja naukowców generuje więcej cytowań, a w konsekwencji wyższy IF). Zjawisko to występuje nie

tylko między dyscyplinami (np. matematyką a medycyną), ale także wewnątrz poszczególnych specjalności (kategorii JCR), które nie pokrywają się z polskim podziałem na dyscypliny naukowe. Artykuły jednego badacza zwykle są zaliczane do różnych kategorii JCR. Dlatego sumowanie IF pochodzących z odmiennych kategorii JCR bez odpowiedniego przeskalowania stanowi błąd metodologiczny. Aby dodawać lub porównywać IF, należałoby najpierw odpowiednio te wielkości przeskalować.

Doceniam jednak fakt, iż Kandydat może poszczycić się publikacją w czasopiśmie *Nature* - periodyku z pierwszego kwartyla (Q1) w kategorii JCR *Multidisciplinary Sciences* (wydanie SCIE). W kategorii tej czasopismo to zajmuje obecnie pierwsze miejsce wśród 140 tytułów, dysponując najwyższym współczynnikiem IF spośród tych 140 czasopism.

Równie imponująca jest liczba patentów oraz projektów badawczych, których Kandydat był kierownikiem. Ponadto pełnił on funkcję wykonawcy w trzech grantach. Podsumowując dorobek, na szczególne uznanie zasługuje bardzo duża liczba cytowań - 3704 według Web of Science na dzień 18.11.2025 r. - oraz wysoki indeks Hirscha (23, według tej samej bazy). Choć są to wskaźniki zależne od wielkości populacji badawczej, to w omawianym przypadku należy je uznać za imponujące.

8 Inne istotne informacje i uwagi

Kandydat w autoreferacie opisuje swoją działalność dydaktyczną oraz popularyzatorską. Sprawował opiekę merytoryczną nad wieloma stażystami (studentami studiów magisterskich) w zakresie bioinformatyki pojedynczych komórek oraz eksperymentalnych technik laboratoryjnych. Gościł także studenta programu Erasmus z Uniwersytetu w Padwie (Włochy) w okresie listopad 2024 - maj 2025. Pełnił funkcję wykładowcy podczas Summer School of Single Cell na Uniwersytecie Karola w Pilźnie (Czechy) w dniach 2-9 września 2020, gdzie prowadził wykład pt. *Introduction to R, Linux, and Single-cell analysis*. Był również wykładowcą w Podyplomowej Szkole Medycyny Molekularnej / Małopolskim Centrum Biotechnologii w dniach 29-31 marca 2021, prezentując wykład pt. *Reconstruction of developmental landscapes and cell atlases from single-cell gene expression profiles*. Prowadził także wykłady dla studenckich kół naukowych, m.in. podczas 27. Ogólnopolskiego Sympozjum NKCh UAM w Jeziorach oraz na Uniwersytecie Przyrodniczym we Wrocławiu dla SKN Bioinformatyków w grudniu 2020 roku. Ponadto jest członkiem Thesis Advisory Committee doktoranta Amana Suryana.

Należy zauważyć, że opieka nad stażystami czy udział w komitecie doktoranta - co sam Kandydat podkreśla jako związaną z badaniami naukowymi - ma charakter bardziej zbliżony do działalności badawczej niż dydaktycznej. Kandydat jest zatrudniony w jednostce badawczej, dlatego jego dorobek dydaktyczny (nieliczne wykłady) jest nieporównywalnie mniejszy niż roczne pensum dydaktyczne osób zatrudnionych w ośrodkach badawczo-dydaktycznych. Niemniej jednak ustawa nie

wymaga od habilitantów osiągnięć w zakresie dydaktyki, wobec tego nawet skromniejszy dorobek w tej dziedzinie stanowi niewątpliwie wartość dodaną do całości osiągnięć Kandydata.

9 Konkluzja

Dorobek naukowy dra Marcina Tabaki oraz Jego wkład w rozwój dyscypliny nauk biologicznych oceniam pozytywnie. Uważam, że wniosek o nadanie stopnia doktora habilitowanego jest w pełni zasadny.

Dr Marcin Tabaka posiada znaczący dorobek publikacyjny, a Jego badania mają istotne znaczenie dla rozwoju nauki. Spełnia wymogi stawiane kandydatom do tego stopnia, a nadanie go będzie uzasadnionym docenieniem Jego działalności naukowej.

W związku z powyższym, rekomenduję nadanie panu dr. Marcinowi Tabace stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

KIEROWNIK
Zakładu Informatyki Radiologicznej
i Statystyki
prof. dr hab. Dorota Bielińska-Wąż