UNIWERSYTET JAGIELLOŃSKI
W KRAKOWIE

WYDZIAŁ BIOCHEMII, BIOFIZYKI I BIOTECHNOLOGII

Kraków, 28 sierpnia, 2026

Dr hab. Przemysław M. Płonka
Zaklad Biofizyki i Biologii Nowotworów WBBiB UJ
W Krakowie

Recenzja rozprawy habilitacyjnej dr. Marcina Tabaki z Międzynarodowego Centrum Badań Oka Instytutu Chemii Fizycznej Polskiej Akademii Nauk w Warszawie, pt. „Wieloskalowe modelowanie i analiza regulacji ekspresji genów na poziomie pojedynczych komórek" (zbiór publikacji), ocena dorobku naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego oraz mobilności naukowej Habilitanta

Uzasadnienie podjęcia się recenzji

Recenzję niniejszą przygotowałem na podstawie Uchwały nr 25/RN/P3/2026 Rady Naukowej Instytutu Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN z dn. 26 czerwca 2026r. Jako recenzent powołany do oceny dokonań Pana dr. Marcina Tabaki, ubiegającego się o stopień naukowy doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne, w oparciu o art. 219 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 2024 r., poz. 1571 ze zm.) w sprawie kryteriów osiągnięć osoby ubiegającej się o nadanie stopnia doktora habilitowanego, przedstawiam rzeczoną recenzję przygotowaną w oparciu o dostarczone dokumenty opisujące:

- rozwój kariery naukowej i zawodowej Kandydata, zawarte w Autoreferacie,
- Osiągnięcie naukowe przedstawione w tymże dokumencie, zawierające również kopie 10 publikacji stanowiących przedmiot Osiągniecia,
- oświadczenia współautorów potwierdzające wiodący wkład Kandydata w powstałe Osiągnięcie
- pozostałe informacje o aktywności naukowej, dydaktycznej, organizacyjnej oraz dokumentację dotyczącą współpracy międzynarodowej i mobilności naukowej,

- zgromadzony dorobek naukowy w postaci wykazu wszystkich publikacji zawartego w nadesłanej dokumentacji, udział w międzynarodowych konferencjach, uzyskanie grantów, udział w patentach, recenzowanie czasopism i opiekę dydaktyczna.

Informacje podstawowe o Kandydacie

Pan dr Marcin Tabaka uzyskał stopień doktora nauk chemicznych w zakresie chemii fizycznej w 2009 roku w Instytucie Chemii Fizycznej Polskiej Akademii Nauk. Tytuł rozprawy doktorskiej - "Regulation of trp operon in E. coli", a promotor: prof. dr hab. Robert Hołyst. Pracę magisterską pt. „Information processing in nonlinear chemical systems" obronił w 2004 r. na Wydziale Chemii Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, pod kierunkiem dr hab. Marka Frankowicza, uzyskując tytuł magistra chemii teoretycznej. Pan dr hab. Marek Frankowicz jest dobrze znany obecnemu recenzentowi, który wielokrotnie konsultował się u niego w zakresie termodynamiki procesów nieodwracalnych układów żywych, zwłaszcza wzrostu nowotworów in vivo. Potwierdza to interdyscyplinarny charakter pracy naukowej dr. Tabaki i uzasadnia dziedzinę i dyscyplinę, w jakiej Habilitant działa i w jakiej stara się o bieżący stopień naukowy. Można dodać, że, ściślej, Jego praca naukowa zawiera się w badaniach termodynamiki układów żywych, które kiedyś zostały zdefiniowane jako przedmiot i zakres, a także aspekt teoretyczny i aplikacyjny nauki nazwanej biofizyką (którą reprezentuje bieżący recenzent). Wziąwszy pod uwagę tematykę przedstawionych do oceny publikacji i innych aspektór działalności Habilitanta, mimo, iż na poprzednich etapach rozwoju naukowego reprezentował chemię, to jednak dyscyplina nauk biologicznych w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w ramach których przewód habilitacyjny przeprowadza Rada Naukowa Instytutu Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego w pełni uzasadnia zakres tematyczny działalności dr. Tabaki.

Wstęp merytoryczny

Działalność badawcza Habilitanta dotyczy najbardziej podstawowych kwestii funkcjonowania materii, z których wyłania się możliwość powstawania układów

żywych. Dlaczego pozorna przypadkowość procesów zachodzących na poziomie mikroskopowym, które można streścić jako przypadkowe zderzenia molekuł, przekazujących energię, prowadzących do powstawania i rozpadu wiązań chemicznych, objawia się na poziomie makroskopowym ukierunkowanym ruchem i zmianami stanu oraz struktury układów, zwięźle interpretowanym jako rozwój i ewolucja. Habilitant zwraca w swych pracach uwagę na interakcje pomiędzy poziomami organizacji materii żywej, organizacji jej na poziomie pojedynczej komórki i interakcji pomiędzy tworzącymi ją systemami molekularnymi, a wielokomórkowymi systemami wyższego rzędu, tworzącymi organizm. Pojawia się tu również pytanie o naturę zjawiska życia, próbę dookreślenia systemów uważanych za żywe, co jest jednym z kluczowych zagadnień biofizycznych. Opis i dynamika tych przemian, ze względu na wielkość i stopień złożoności, wymaga posługiwania się modelami, wykorzystującymi narzędzia i język matematyki. Ponieważ zakres zainteresowań matematyki obejmuje zbiory i systemy nieskończone, co więcej, różniące się atrybutami nieskończoności oraz, na najwyższym poziomie rozważań, tworzącymi matematyczne struktury, dotarcie do tego poziomu organizacji możliwe jest jedynie w sposób uproszczony, wykorzystując modele obliczeniowe, operujące systemami skończonymi, choć bardzo dużymi, będącymi atrybutem informatyki. Zresztą systemy biologiczne o ogromnej, choć skończonej pojemności, również działają jako systemy zbinaryzowane, choć wynikają z procesów stochastycznych, opisywanych przez chemię teoretyczną. Właśnie to przejście, charakteryzujące układy żywe, a określane w skrócie emergentnością, można wykorzystać do lakonicznego zdefiniowania tego, czym zajmuje się dr Marcin Tabaka, jako biolog, chemik, termodynamik i informatyk.

Omówienie i ocena Osiągnięcia naukowego

Dzieło Pana Marcina Tabaki przedstawione do oceny jako Osiągnięcie naukowe składa się z 10 publikacji opublikowanych w prestiżowych czasopismach naukowych, w tym Cell oraz Nature. Habilitant próbuje dookreślić, które z nich zaliczyć można do prac eksperymentalnych, a które do przeglądowych, moim zdaniem w skład tego osiągnięcia, oprócz prac ściśle eksperymentalnych zaliczyłbym prace „koncepcyjne", to coś więcej

niż przegląd literatury (w domniemaniu – własnych prac) i prac teoretycznych. W tym ujęciu przedstawione Osiągnięcie jest świetnym materiałem na habilitację, w której kandydat musi się wykazać nie tylko znajomością materii zagadnienia, ale biegłością edytorską. Jego dzieło w trakcie czytania coraz bardziej wciąga i pochłania, nie stanowiąc wyłącznie ponumerowanej listy etapów naukowych do odhaczenia.

Dzieło zatytułowane „Wieloskalowe modelowanie i analiza regulacji ekspresji genów na poziomie pojedynczych komórek" rozpoczyna się od prac dokumentujących stochastyczne podstawy determinujące różnicowanie, w ramach którego różne komórki pochodzące od jednej zygoty, różnicują w kierunku różnych tkanak, a w efekcie – narządów. Jest to wynikiem stochastycznej („pulsacyjnej) aktywacji (i być może inhibicji) różnych genów zawartych w materiale genetycznym. Osobiście dodałbym *idee fixe* biofizyka – tworzenie „pól morfogenetycznych" wywołane niejednorodnym potencjałem elektrostatycznym powierzchni komórki i niejednorodną lokalizację kanałów jonowych, które na drodze dodatniego sprzężenia zwrotnego nasilają ową niejednorodność. Już tutaj widać fundamentalną rolę pojedynczej komórki i jej biofizycznych parametrów, zgodnie z założeniami zawartymi w tytule Dzieła. Szczegóły zasugerowane przez Kandydata opisane są w pracach H1 i H2.

Prace H3-H7 opisują główny mechanizm sprawczy zróżnicowanego aktywowania składowych materiału genetycznego. Aby doszło do aktywacji genu strukturalnego, musi dojść do interakcji sekwencji promotorowej z promotorem, białkiem, którego gen, sam przez się, ulega ekspresji, być może w wyniku podobnych procesów, w innym *locus*. Jednocześnie musi dojść do zmiany konformacyjnej w DNA (w heterochromatynie) aczkolwiek zmianie wybiórczej, niekoniecznie wynikającej z tego konkretnego oddziaływania z białkiem. Erwin Schrödinger w cytowanej przez Kandydata książce zwrócił uwagę na 3 cechy materiału genetycznego, spełnianego przez DNA, a mianowicie: szkielet („kręgosłup") z polielektrolitu, przewidywalna stabilność termodynamiczna, oraz stereoregularna, aperiodyczna struktura (kwazi)krystaliczna. Dr Tabaka dodaje do tego cechy wyższego rzędu, umożliwiające właściwe interakcje białka z DNA, a wynikające z gęstości populacji białek regulujących ekspresję, a mianowicie zatłoczenie molekularne i dyfuzję wspomaganą („ułatwioną").

Jest to właściwy moment, aby zwrócić uwagę na nurtujący obecnego recenzenta problem wynikający z zatłoczenia molekularnego. Chodzi o molekularne przewodnictwo synaptyczne, w skład którego niekoniecznie wchodzi DNA. W synapsie neuronalnej w błonie presynaptycznej wydzielany jest neurotransmiter, który dociera do błony neuronu postsynaptycznego i ulega degranulacji, a następnie inicjowany jest tu potencjał czynnościowy, właśnie w wyniku oddziaływania z odpowiednimi kanałami jonowymi, a to poprzez aktywację odpowiednich kinaz. Okazuje się, że stężenie transportowanego neurotransmitera jest ekstremalnie duże – rzędu moli/l. Po pierwsze trudno sobie wyobrazić, w jaki sposób takie stężenie osiągane jest w neuronie presynaptycznym, a po drugie – jaki jest mechanizm transportu. Wydaje się, że poprzez pęcherzyki synaptyczne – obłonione mikropęcherzyki. Kwestia zatłoczenia molekularnego oraz jego ewolucji jest tu kluczowa, a po drugie, transport w szczelinie synaptycznej musi być wspierany procesami egzoergicznymi, aby w ogóle był możliwy transfer pobudzenia. Zwracam uwagę, że oddziaływanie z DNA nie jest tutaj obecne, a kluczowe sa zjawiska zachodzące na wewnętrznej i zewnętrznej powierzchni błony. Z drugiej strony, coraz więcej mówi się o kwasach nukleinowych transportowanych przez egzosomy (RNA ale również fragmenty DNA). Sprawa pozostaje zatem otwarta, ale jest wynikiem rozważań zawartych w pracach H3-H7 Kandydata, dotyczących jednakże pojedynczej komórki.

Kolejna grupa prac, H8-H10, związana jest już *explicite* z interakcjami międzykomórkowymi i ewolucją grup komórek, a także interakcji pomiędzy heterogenicznymi populacjami komórek w tkance prawidłowej i patologicznej. Efekty te wynikają z interakcji w transkryptomach i z oddziaływaniami o charakterze immunologicznym. Jednym z zagadnień jest tu piroptoza wynikająca z aktywacji interleukiny IL-1beta i tworzeniem inflammasomów. Proces ten prowadzi do perforacji błony komórkowej i nasilenia procesu zapalnego w komórce nowotworowej, gdzie zaangażowany jest tlenek azotu.

Obecny recenzent pragnie tu zwrócić uwagę na kilka kwestii. Po pierwsze, krajobrazy Waddingtona modelujące trajektorie embriogenezy, różnicowania i odróżnicowania komórek oraz udziału i rekrutacji w tych procesach komórek pluripotencjalnych iPSC (np. praca H8). Narzuca to analogię do krajobrazów Wrighta modelujących różnicowanie gatunków i ewolucję populacji całych organizmów, co jest chyba więcej

niż analogią i świadczy o pokrewieństwie procesów zachodzących w świecie żywym i w ogóle świecie fizycznym. Kwestia różnicowania komórek nowotworowych i komórek układu odpornościowego opisana w starych i nieanglojęzycznych pracach Kuznetsova była przedmiotem dyskusji właśnie z dr hab. Markiem Frankowiczem, który zasugerował sposób interpretacji ewolucji populacji komórek nowotworowych na płaszczyźnie fazowej i wytłumaczenie zjawisk „nowotworu drzemiącego" i „prześlizgiwania immunologicznego" w kategoriach teorii bifurkacji. Ponieważ prace te wynikają wprost z modelu kinetyki chemicznej Michaelisa-Menten, być może zainspirowało to Pana Marcina Tabakę do głębszej analizy interakcji transkryptomicznych pojedynczej komórki (a w efekcie, być może, populacji komórkowych, w tym komórek nowotworowych) dysponując znacznie doskonalszą aparaturą techniczna i pojęciową. Biorąc pod uwagę aktualną afiliację Kandydata (Międzynarodowe Centrum Badań Oka Instytutu Chemii Fizycznej PAN), badania te muszą w jakimś zakresie wiązać się z medycyną i terapią.

Pojęcie „pseudoczasu" wykorzystane w modelowaniu transportu i różnicowania zostało w bieżącej pracy (H8) zastąpione przez Kandydata pojęciem „czasu optymalnego", co w pewien sposób nawiązuje do wprowadzonego na początku XX w przez Alexisa Carrela pojęcia „czasu wewnętrznego". Pojęcie to, niezbędne dla zrozumienia złożoności ewolucji komórek, ewolucji organelli komórkowych i przewidywania kierunkowości wzrostu i przemian składowych komórek, kieruje badania dr. Tabaki najkrótszą drogą ku stworzeniu właściwego modelu zjawiska życia. Dobrym przybliżeniem modeli ciągłych dla ewolucji układów żywych byłoby tu zastosowanie modeli z wykorzystaniem równań różniczkowych z opóźnionym argumentem czasu. Model taki mógłby być wykorzystany w różnicowaniu komórek tworzących włos, wspomnianych w Autoreferacie. Mieszek włosowy jest mikroorganem złożonym z elementów ektodermalnych i mezodermalnych. Mezodermalna brodawka włosa jest najważniejszym elementem sterującym różnicowaniem mieszka włosowego i wpływającym na kierunek zmian komórek macierzystych generujących włos ze wszystkimi typami tkanek, których jest kilkanaście. Jeżeli chodzi o czas wewnętrzny, to trzeba przypomnieć, że mieszek włosowy stanowi układ dynamiczny. Nawet w okresie pozornie „spoczynkowym" (telogen), mieszek włosowy jest w ciągłej interakcji z brodawką włosa i innymi elementami. Wzrost włosa jest procesem ciągłym i

periodycznym, wpływającym na całą tkankę tworzącą skórę, a zatem i potencjalne komórki nowotworowe powstające w skórze. W opisanych badaniach (H10) model Ocelli umożliwia rekonstrukcję i wizualizację hierarchii rozwojowej komórek na podstawie wielomodalnych danych z pojedynczych komórek. Dalsze badania i praca nad Ocelli powinna uwzględnić model opóźnionego argumentu czasu oraz fakt, że wzrost włosa jest dynamicznym procesem powtarzającym się (jako cykl włosowy), wchodzącym w interakcje z naczyniami włosowatymi, układem odpornościowym (zob. ekspresja nieklasycznych antygenów MHC-I) oraz z układem nerwowym (periodyczna angio- i neurogeneza i angio-, neuroinwolucja).

Osiągnięcie zgłoszone przez Kandydata do oceny jest produktem kompletnym, a zarazem antycypującym kierunki ewolucji sportretowanego w Dziele problemu naukowego, być może z wykorzystaniem uwag zawartych w teh części mojej recenzji. Można zwrócić szczególna uwagę na połączenia międzykomórkowe, czyli nie „transkryptomika jednej komórki", a „transkryptomika pojedynczej synapsy" Kończąc tę część wywodu zwracam uwagę, że opisuje się wiele rodzajów synaps, oprócz synapsy nerwowej, nerwowo-mięśniową, immunologiczną (interakcje między komórkami odpornościowymi), fagocytarną (miedzy komórkami fagocytujacymi a mikroorganizmami), pigmentacyjna (między melanocytami a keratynocytami i między keratynocytami a keratynocytami II rzędu) i być może innych. W ten sposób dążymy do stworzenia wielokomórkowego modelu ewoluującego systemu żywego, a jeżeli chodzi o zjawiska zachodzące w neuronach i między neuronami (i neuronami a komórkami glejowymi), do zrozumienia mechanizmó• powstawania świadomości i emocji. Dlatego już teraz wnoszę o wyróżnienie tej habilitacji, o ile spełnia ona wymogi formalne w tej Radzie Naukowej.

Znaczność i znaczącość Osiągnięcia

Te dwa parametry dookreślają oryginalność dzieła. To, w jakich czasopismach zostało opublikowane Osiągnięcie (IF czasopism) i w ilu publikacjach, oraz czy zostało dostrzeżone przez odbiorców (sumaryczna liczba cytowań).

Osiągnięcie naukowe pana Tabaki zostało opublikowane w 10 „impactowanych" czasopismach (z tzw. „listy filadelfijskiej"), o zróżnicowanym współczynniku oddziaływania (IF). Jak wspomniano wcześniej, trudno jest zaklasyfikować te prace do typowych prac eksperymentalnych i ewentualnie przeglądowych, ze względu na charakter zagadnień (na przykład praca z „Frontiers in Physics", H5) określona jako „przeglądowa" generuje nowe koncepcje i należy ją zaklasyfikować jako pracę „koncepcyjną", o czym zresztą Kandydat sam wspomniał w komentarzu do pracy. Takie publikacje bywają potem szeroko cytowane w celu odwołania się do źródeł nowych, cytowalnych koncepcji. Inne czasopisma zamieszczające Osiągnięcie Kandydata to PLoS 1, Soft Matter, Phys Rev, NAR Genom. Bioinform. (to ostatnie zawiera pracę z 2025 r zawierającą aplikacyjny element Osiągnięcia). Do najlepiej cytowanych czasopism należy PNAS, Nucleic Acid Res oraz Cell (IF 46,8, 530 cytowań) i Nature (IF 55, 276 cytowań). W podsumowaniu, łączny IF czasopism wynosi 149,6, a średni 14,9. Prace do momentu złożenia materiałów były cytowane 1060 razy (wg Web of Knowledge, po przejściu tej bazy z Thompson Reuters do Clarivatwe, obecnie jest to Web of Science, można by też podać cytowalność wg SCOPUS i Google Scholar, o najszerszym zakresie źródeł).

Duże zróżnicowanie czasopism świadczy, że Habilitant nie „polował na cytowania", szukając najodpowiedniejszych merytorycznie. Publikacje w tych o dużym współczynniku IF (zwłaszcza Cell i Nature) oraz imponująca sumaryczna liczba cytowań świadczy o ZNACZĄCOŚCI dzieła, a liczba załączonych w Osiągnięciu publikacji wraz z tymi najlepiej cytowanymi, o ZNACZNOSCI osiągniecia. Do osiągnięcia Autor włączył też pracę z 2025 r. (H10), która nie doczekała jeszcze cytowań, ale praca ta („Ocelli: an open-source tool for the analysis and visualization of developmental multimodal single-cell data") ma charakter aplikacyjny.

Samodzielność

O tym charakterze Dzieła najlepiej świadczy udział Autora w przygotowanie publikacji oraz pozycja Autora (first/first or second, corresponding, senior). Dr Marcin Tabaka w 7

publikacjach występuje jako pierwszy lub współdzielący pierwsze autorstwo (co wynika z kolejności alfabetycznej), w 2 jest autorem drugim, a w 4 jest autorem do korespondencji. W żadnej z prac Kandydant nie występuje bez którejś z tych wymienionych pozycji. W pracy z Cell współdzieli pierwszą pozycję, a w pracy z Nature jest drugim autorem spośród 10 współautorów. Dane te dobitnie świadczą o **SAMODZIELNOŚCI** Kandydata w stworzeniu ocenianego Dzieła, a wszystkie ilustrują **ORYGINALNOŚĆ** dorobku. Wiodący udział Kandydata jest dodatkowo poświadczony oświadczeniami autorskimi współautorów wszystkich wymienionych składowych Osiągnięcia naukowego.

Inna działalność naukowa i pozostały dorobek

Wśród zagadnień związanych z ogólną działalnością naukową Kandydat, obok Autoreferatu dotyczącego Osiągnięcia naukowego, wymienia 28 pozostałych publikacji naukowych. Łączna liczba cytowań Autora wynosi 3661 (bez autocytowań), a łączny współczynnik oddziaływania – 724 (za ostatnie 5 lat). Współczynnik Hirscha wg WoK (WoS) i SCOPUS – 23, a wg Google Scholar – 24. Dr Tabaka podaje powstanie z Jego udziałem 4 kompletów oprogramowania, w tym wspomnianego pakietu Ocelli. Kieruje lub współkieruje (współkierował) 9 grantami badawczymi, a 3 członków prowadzonych przez Niego grup badawczych uzyskało własne finansowanie. Jest kierownikiem Grupy Badawczej Genomiki Obliczeniowej ICTER ICHFPAN, składającego się z 5 badaczy. Wymienia też liczne tytuły czasopism z „listy filadelfijskiej", w których pełni funkcję recenzenta. Dr Tabaka wymienia 24 zjazdy i konferencje, oraz wykłady na zaproszenie, na których zaprezentował swoje wyniki badań. Dynamizm jego rozwoju naukowego można uzasadnić tym, iż spośród wymienionych 38 publikacji, 35 uzyskał już po doktoracie. Jest bardzo skoncentrowany na rozwoju naukowym i badaniach.

Ocena dorobku dydaktycznego, popularyzatorskiego i organizacyjnego oraz współpracy ze środowiskiem społeczno-gospodarczym Habilitanta

Dr Marcin Tabaka do współpracy ze środowiskiem społeczno-gospodarczym zaliczył współautorstwo 4 patentów lub wniosków patentowych, oraz konsultacje z firmą Decibel Therapeutic Inc. USA. Pełni funkcję promotora pomocniczego w 5 przewodach doktorskich, sprawuje również opiekę nad magistrantami. Ważnym aspektem pracy dydaktycznej Habilitanta jest również opieka nad stażystami (studenci krajowi i zagraniczni, w tym studenci istazysci z MCB UJ w Krakowie).

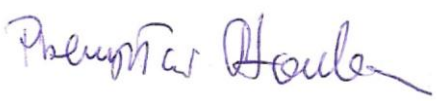
Ocena mobilności naukowej i jej dokumentacji przez Kandydata

Ustawa „Nauka 2.0" z 20 lipca 2018 r. w art. 219.1, p.2, poz. 3 precyzuje, iż osoba, której można przyznać stopień naukowy doktora habilitowanego: "wykazuje się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej", warunek zwany potocznie warunkiem „mobilności naukowej". Warunek ten powinien być właściwie udokumentowany, nie tylko poprzez oświadczenie Kandydata, ale również zaświadczenie, opinię opiekuna naukowego z innej placówki, a najlepiej publikacjami afiliowanymi przy wspomnianej w Ustawie, zewnętrznej instytucji.

W przypadku dr. Marcina Tabaki, w pracach H8 (Cell) i H9 (Nature) jedyną podaną afiliacją pana Marcina jest Broad Institute of MIT and Harvard, Regev Lab, Cambridge, MT USA. Autor wykazuje pobyt w MIT jako jeden z punktów jego staży podoktorskich. Praca H10 wykazuje, oprócz macierzystej afiliacji (Instytut Chemii Fizycznej PAN), również afiliację przy International Centre for Translational Eye Research, Warszawa, Polska. Jest to wystarczające i wyczerpujące uzasadnienie **mobilności naukowej** Habilitanta.

Ocena ogólna i podsumowanie

Pan dr Marcin Tabaka spełnia wszystkie wymogi przewidziane Ustawą „Nauka 2.0" z 20 lipca 2018r. dla osób starających się o stopień naukowy doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne – uzyskał stopień doktora, pracował naukowo w różnych placówkach krajowych i zagranicznych, posiada dorobek naukowy, dydaktyczny, popularyzatorski i organizacyjny, a przede wszystkim przedstawił do oceny Osiągnięcie naukowe ocenione w powyższej recenzji, będące samodzielnym, znacznym i znaczącym w świecie nauki, spójnym zbiorem 10 publikacji, posiadających „impact factor", cytowanych i z Jgo pierwszym, drugim i/lub korenspondencyjnym autorstwem. Spełnienie tych wymogów zostało odpowiednio i przekonująco udokumentowane, dlatego wnoszę do Wysokiej Rady o zaakceptowanie wniosku Pana dr. Marcina Tabaki o przyznanie mu **stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne** i o przejście do dalszych etapów procedury nadania stopnia. Jednocześnie pragnę podkreślić interdyscyplinarność w podejściu do zagadnienia, wymagającą dogłębnej wiedzy biologicznej, chemicznej, fizycznej i bioinformatycznej. W związku z obszernością zaprezentowanego Osiagniecia naukowego, publikacj w najlepszych czasopismach o współczynniku oddziaływania liczącym kilkadziesiąt, a przede wszystkim z racji struktury Osiągniecia, sięgającego od przypadkowych oddziaływań międzycząsteczkowych do ukierunkowanych zjawisk transportu i organizacji struktur biologicznych w kierunku uzyskania struktury tkankowej i dalej, skupienia się na odpowiedzi, w jaki sposób ze zdarzeń przypadkowych wyłania się żywy organizm (a w perspektywie – świadomy organizm), a także z racji umiejętności zaprojektowania i przeprowadzenia długotrwałego cyklu badań i wykorzystania w nim matematyki i informatyki **wnoszę o stosowne wyróżnienie Osiągnięcia**.



Dr hab. Przemysław M. Płonka

Zakład Biofizyki i Biologii Nowotworów
WBBiB UJ w Krakowie

Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ