Recenzja osiągnięcia naukowego i dorobku naukowego dr. Marcina Tabaki w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dyscyplinie nauki biologiczne. Sporządzona dla Instytutu Biologii Doświadczalnej im. Marcelego Nenckiego Polskiej Akademii Nauk.

Recenzent:
dr hab. Paweł Lisowski
Max Delbrück Center for Molecular Medicine in the Helmholtz Association (MDC), Berlin, Germany
Berlin Institute for Medical Systems Biology (BIMSB), Berlin, Germany
Charité—Universitätsmedizin, Berlin, Germany
Institute of Genetics and Animal Biotechnology, Polish Academy of Sciences, Jastrzebiec n/Warsaw, Poland

1. Informacje ogólne o Habilitancie

Dr Marcin Tabaka ukończył w 2004 r. studia magisterskie z chemii teoretycznej na Uniwersytecie Jagiellońskim. W 2009 r. uzyskał stopień doktora nauk chemicznych w zakresie chemii fizycznej w Instytucie Chemii Fizycznej PAN; promotorem rozprawy był prof. Robert Hołyst. W latach 2010–2014 odbywał staż podoktorski w grupie prof. Hołysta w IChF PAN, a w latach 2014–2019 pracował w laboratorium prof. Aviv Regev w Broad Institute of MIT i Harvard. Od 2020 r. kieruje Grupą Genomiki Obliczeniowej w Międzynarodowym Centrum Badań Oka Instytutu Chemii Fizycznej PAN.

Ta ścieżka kariery wskazuje na konsekwentny rozwój zainteresowań od chemii fizycznej i modelowania matematycznego procesów molekularnych do biologii obliczeniowej i wielowymiarowej analizy danych z pojedynczej komórki. Szczególnie istotny był wieloletni okres pracy w międzynarodowym środowisku rozwijającym metody genomiki pojedynczej komórki.

2. Ocena osiągnięcia naukowego H1–H10

2.1. Zakres, założenia i spójność cyklu

Jako osiągnięcie naukowe Habilitant przedstawił cykl dziesięciu powiązanych tematycznie publikacji zatytułowany „Wieloskalowe modelowanie i analiza regulacji ekspresji genów na poziomie pojedynczych komórek”. Cykl obejmuje trzy następujące po sobie, powiązane koncepcyjnie kierunki: stochastyczną regulację ekspresji genów (H1–H2), wpływ zatłoczenia makromolekularnego i dyfuzji na kinetykę procesów molekularnych (H3–H7) oraz całogenomową analizę ekspresji pojedynczych komórek (H8–H10).

Wspólnym mianownikiem tych prac jest poszukiwanie ilościowego, mechanistycznego opisu źródeł zmienności ekspresji genów i heterogeniczności komórkowej. Różnorodność układów biologicznych i technik obliczeniowych dokumentuje rozwój od modeli minimalnych do analizy złożonych układów wielokomórkowych. Uważam tę ewolucję za szczególnie wartościową i naukowo przekonującą.

2.2. Charakterystyka i ocena poszczególnych prac

H1. Bimodal gene expression in noncooperative regulatory systems Ochab-Marcinek A., Tabaka M.Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS), 2010, (https://doi.org/10.1073/pnas.1008965107)

Publikacja H1 dotyczy stochastycznych mechanizmów regulacji ekspresji genów, ze szczególnym uwzględnieniem powstawania bimodalnych rozkładów ekspresji w układach regulatorowych niewykazujących kooperatywności. Autorzy wykazali, że szum molekularny (molecular noise) moze prowadzić do zróżnicowania poziomów ekspresji genów w populacji komórek, nawet w przypadku braku klasycznych mechanizmów kooperatywnej regulacji. Praca stanowi istotny wkład w zrozumienie fizycznych podstaw heterogeniczności ekspresji genów.

H2. Transcriptional leakage versus noise: A simple mechanism of conversion between binary and graded response in autoregulated genes. Ochab-Marcinek A., Tabaka M.Physical Review E, 2015, (https://doi.org/10.1103/PhysRevE.91.012704)

Publikacja H2 rozwija problematykę stochastycznej regulacji ekspresji genów, analizując wpływ fluktuacji molekularnych, autoregulacji oraz bazalnej aktywności transkrypcyjnej (transcriptional leakage) na charakter odpowiedzi układów regulatorowych. Autorzy przedstawili mechanizm umożliwiający przejście pomiędzy odpowiedzią binarną (binary response) a stopniową (graded response) w genach podlegających autoregulacji. Praca pogłębia rozumienie zależności pomiędzy właściwościami stochastycznymi układów regulacyjnych a obserwowanymi wzorcami ekspresji genów.
Publikacje H1 (PNAS, 2010) i H2 (Physical Review E, 2015) dotyczą stochastycznych mechanizmów regulacji ekspresji genów, w szczególności wpływu szumu molekularnego (molecular noise), autoregulacji oraz bazalnej aktywności transkrypcyjnej (transcriptional leakage) na charakter odpowiedzi układów regulatorowych.

H3. Quantitative influence of macromolecular crowding on gene regulation kinetics. Tabaka M., Kalwarczyk T., Hołyst R. Nucleic Acids Research, 2014, (https://doi.org/10.1093/nar/gkt907)
Publikacja H3 przedstawia ilościową analizę wpływu zatłoczenia makromolekularnego (macromolecular crowding) na kinetykę regulacji ekspresji genów (gene regulation kinetics). Praca wskazuje, że właściwości fizyczne środowiska wewnątrzkomórkowego mogą istotnie wpływać na przebieg procesów molekularnych uczestniczących w regulacji genów. Jej wartość polega na połączeniu modelowania biofizycznego z ilościową interpretacją mechanizmów regulacji ekspresji genów.

H4. Implications of macromolecular crowding for protein–protein association kinetics in cytoplasm of living cells. Tabaka M., Sun L., Kalwarczyk T., Hołyst R. Soft Matter, 2013, (https://doi.org/10.1039/C3SM00013C)

Praca H4 koncentruje się na wpływie zatłoczenia makromolekularnego na kinetykę tworzenia kompleksów białkowych (protein–protein association kinetics) w cytoplazmie żywych komórek. Autorzy analizowali, w jaki sposób fizyczne właściwości środowiska wewnątrzkomórkowego wpływają na szybkość oddziaływań pomiędzy białkami. Publikacja wnosi istotny wkład w ilościowe rozumienie procesów asocjacji molekularnej w warunkach zbliżonych do fizjologicznych.

H5. The effect of macromolecular crowding on mobility of biomolecules, association kinetics and gene expression in living cells. Tabaka M., Kalwarczyk T., Szymański J., Hou S., Hołyst R. Frontiers in Physics, 2014,(https://doi.org/10.3389/fphy.2014.00054)

Publikacja H5 stanowi syntetyczne omówienie wpływu zatłoczenia makromolekularnego na ruchliwość biomolekuł (biomolecular mobility), kinetykę asocjacji (association kinetics) oraz regulację ekspresji genów. Praca integruje zagadnienia fizyki środowiska wewnątrzkomórkowego z procesami biologii molekularnej, wskazując na znaczenie właściwości fizycznych cytoplazmy dla funkcjonowania komórek.

H6. Method for the analysis of contribution of sliding and hopping to a facilitated diffusion of DNA-binding protein: Application to in vivo data. Tabaka M., Burdzy K., Hołyst R. Physical Review E, 2015, (https://doi.org/10.1103/PhysRevE.92.022721)

W publikacji H6 przedstawiono metodę ilościowej analizy udziału dwóch mechanizmów przemieszczania się białek wiążących DNA (DNA-binding proteins): przesuwania się wzdłuż cząsteczki DNA (sliding) oraz krótkotrwałego odłączania się i ponownego przyłączania do DNA (hopping). Oba procesy stanowią elementy mechanizmu określanego jako facilitated diffusion, umożliwiającego białkom efektywne poszukiwanie docelowych miejsc wiązania na DNA. Istotną wartością pracy jest opracowanie podejścia analitycznego pozwalającego rozróżniać udział tych mechanizmów na podstawie danych eksperymentalnych in vivo.

H7. The hinge region strengthens the nonspecific interaction between lac-repressor and DNA: A computer simulation study. Sun L., Tabaka M., Hou S., Li L., Burdzy K., Aksimentiev A., Zhang X., Hołyst R. PLOS ONE, 2016, (https://doi.org/10.1371/journal.pone.0152002)

Publikacja H7 przedstawia wyniki symulacji komputerowych wskazujących, że region zawiasowy (hinge region) represora laktozowego LacI wzmacnia jego nieswoiste oddziaływania z DNA (nonspecific protein–DNA interactions), co ma znaczenie dla zrozumienia mechanizmów poszukiwania przez białka regulatorowe docelowych sekwencji DNA.

Łącznie prace H3–H7 tworzą spójny program badawczy, w którym metody biofizyki teoretycznej, modelowania matematycznego i symulacji komputerowych wykorzystano do wyjaśnienia, w jaki sposób właściwości fizyczne środowiska wewnątrzkomórkowego oraz dynamika oddziaływań białek z DNA wpływają na molekularne mechanizmy regulacji ekspresji genów.

H8. Optimal-transport analysis of single-cell gene expression identifies developmental trajectories in reprogramming. Schiebinger G., Shu J., Tabaka M. i wsp. Cell, 2019 (https://doi.org/10.1016/j.cell.2019.01.006)

Publikacja H8 wykorzystuje sekwencjonowanie RNA pojedynczych komórek (scRNA-seq) oraz zaawansowane metody obliczeniowe, w tym transport optymalny (optimal transport), do rekonstrukcji trajektorii reprogramowania mysich komórek somatycznych do indukowanych pluripotencjalnych komórek macierzystych (iPSC). Analizy te pozwoliły nie tylko scharakteryzować heterogeniczność stanów komórkowych i dynamikę reprogramowania, lecz również zidentyfikować czynniki mogące wpływać na skuteczność tego procesu. Szczególnie istotnym wynikiem było wskazanie GDF9 jako czynnika zwiększającego wydajność uzyskiwania iPSC, co następnie potwierdzono eksperymentalnie, obserwując około 4–5-krotny wzrost wydajności reprogramowania po zastosowaniu rekombinowanego białka GDF9.

Praca stanowi przykład badań, w których zaawansowane analizy obliczeniowe nie ograniczają się do opisu danych transkryptomicznych, lecz umożliwiają formułowanie i eksperymentalną weryfikację nowych hipotez dotyczących mechanizmów regulujących los komórek.

H9. TIM-3 restrains anti-tumour immunity by regulating inflammasome activation. Dixon K.O., Tabaka M., Schramm M.A. i wsp. Nature, 2021, https://doi.org/10.1038/s41586-021-03626-9)

Publikacja H9 identyfikuje istotny mechanizm regulacji odpowiedzi przeciwnowotworowej, w którym receptor TIM-3 hamuje aktywację inflamasomu w komórkach dendrytycznych, ograniczając tym samym odpowiedź limfocytów T CD8+. Wyniki wskazują, że blokowanie funkcji TIM-3 może stanowić potencjalną strategię wzmacniania odporności przeciwnowotworowej poprzez przywrócenie aktywności inflamasomu w określonych populacjach komórek dendrytycznych.

Istotnym elementem pracy były analizy transkryptomiczne pojedynczych komórek, które pozwoliły scharakteryzować populacje komórek immunologicznych oraz zmiany ich stanów funkcjonalnych związane z regulacją aktywności inflamasomu. Publikacja ilustruje znaczenie integracji analiz bioinformatycznych z eksperymentalnymi badaniami mechanizmów odpowiedzi immunologicznej.

H10. Ocelli: An open-source tool for the analysis and visualization of developmental multimodal single-cell data. Rutkowski P., Tabaka M. NAR Genomics and Bioinformatics, 2025, DOI: (https://doi.org/10.1093/nargab/lqaf040)

Publikacja H10 przedstawia Ocelli — narzędzie bioinformatyczne o otwartym kodzie źródłowym, przeznaczone do analizy i wizualizacji wielomodalnych danych pojedynczych komórek. Oprogramowanie wykorzystuje podejście oparte na dyfuzji, umożliwiając analizę danych obejmujących różne modalności molekularne, w tym pomiary transkryptomiczne i epigenomiczne. Narzędzie wspiera rekonstrukcję trajektorii rozwojowych, analizę podtrajektorii oraz identyfikację i wizualizację rzadkich stanów komórkowych.

Jest to istotne osiągnięcie metodologiczne o potencjale szerszego wykorzystania przez środowisko naukowe, szczególnie w badaniach wymagających integracji złożonych danych single-cell.

Podsumowanie oceny cyklu publikacji H1–H10

Oryginalność przedstawionego cyklu polega nie tylko na opracowywaniu nowych modeli matematycznych, metod analitycznych i narzędzi bioinformatycznych, lecz również na konsekwentnym łączeniu analiz ilościowych z interpretacją biologiczną. Poszczególne publikacje dokumentują rozwój zainteresowań naukowych Habilitanta — od teoretycznych podstaw stochastycznej regulacji ekspresji genów i biofizyki oddziaływań molekularnych, przez analizę złożonych procesów komórkowych z wykorzystaniem danych pojedynczych komórek (*single-cell*), aż po rozwój narzędzi do integracji danych wielomodalnych.

Szczególna wartość poznawcza tego dorobku wynika z wyjaśnienia mechanizmów biologicznych, które wcześniej pozostawały trudne do ilościowego opisania. W pracach H1–H2 wykazano, że bimodalne wzorce ekspresji genów oraz przejścia pomiędzy odpowiedzią binarną a stopniową mogą wynikać z prostych mechanizmów regulacyjnych, bez konieczności zakładania kooperatywności oddziaływań. Prace H3–H7 pozwoliły lepiej zrozumieć, w jaki sposób zatłoczenie makromolekularne, dyfuzja oraz niespecyficzne oddziaływania białek z DNA wpływają na kinetykę procesów molekularnych i regulację ekspresji genów w rzeczywistym środowisku komórkowym.

Z kolei publikacje H8–H9 ukazują znaczenie zaawansowanych metod obliczeniowych dla odkrywania mechanizmów biologicznych na poziomie single cell. W H8 rekonstrukcja trajektorii reprogramowania komórkowego umożliwiła identyfikację stanów przejściowych i czynników wpływających na skuteczność tego procesu, w tym GDF9, którego zastosowanie zwiększało wydajność reprogramowania. W H9 analizy pojedynczych komórek przyczyniły się do wyjaśnienia roli TIM-3 w regulacji aktywacji inflamasomu w komórkach dendrytycznych i odpowiedzi przeciwnowotworowej. Publikacja H10 stanowi natomiast istotne osiągnięcie metodologiczne, udostępniając narzędzie Ocelli do analizy złożonych struktur, stanów i trajektorii komórkowych na podstawie danych wielomodalnych.

W mojej ocenie zasadnicze novum przedstawionego osiągnięcia polega na przełożeniu ilościowego opisu procesów molekularnych na możliwość identyfikacji i interpretacji złożonych zjawisk biologicznych na poziomie pojedynczych komórek. Dorobek ten wpisuje się w rozwój współczesnej biologii systemowej, łącząc modelowanie matematyczne, biofizykę i genomikę obliczeniową. Jego znaczenie wykracza poza pojedyncze badane układy biologiczne, ponieważ opracowane podejścia metodologiczne znajdują zastosowanie w badaniach regulacji genów, różnicowania i reprogramowania komórkowego oraz mechanizmów odpowiedzi immunologicznej. Cykl H1–H10 stanowi tym samym spójne i oryginalne osiągnięcie naukowe o wysokiej wartości poznawczej, metodologicznej i potencjale dalszych zastosowań w badaniach biomedycznych.

2.3. Indywidualny wkład Habilitanta — analiza oświadczeń współautorów

Ocena indywidualnego wkładu dr. Marcina Tabaki w powstanie przedstawionego osiągnięcia naukowego została przeprowadzona na podstawie szczegółowych oświadczeń współautorów publikacji H1–H10. Dokumenty te pozwalają określić rzeczywisty zakres odpowiedzialności Habilitanta za koncepcję badań, opracowanie metod, realizację analiz, interpretację wyników oraz przygotowanie publikacji, niezależnie od jego formalnej pozycji na liście autorów.

Analiza oświadczeń wskazuje, że wkład Habilitanta miał w wielu pracach charakter wiodący, obejmując zarówno opracowywanie oryginalnych rozwiązań teoretycznych i obliczeniowych, jak i samodzielne prowadzenie złożonych analiz bioinformatycznych. W kolejnych etapach działalności naukowej widoczny jest również rozwój jego roli — od autora modeli matematycznych i algorytmów do badacza współodpowiedzialnego za koncepcję, organizację i nadzór nad rozwojem nowych metod analizy danych biologicznych.

Publikacje - Indywidualny wkład potwierdzony w oświadczeniach współautorów

H1–H2 Opracowanie koncepcji matematycznych, modeli stochastycznej regulacji ekspresji genów, wyprowadzeń analitycznych i symulacji komputerowych. W H1 m.in. zastosowanie transformacji rozkładów prawdopodobieństwa i analiza bimodalności ekspresji; w H2 opracowanie konstrukcji geometrycznej opisującej przejście pomiędzy odpowiedzią binarną a stopniową. Udział w interpretacji wyników i przygotowaniu manuskryptów.

H3–H4 Opracowanie koncepcji naukowych, ram teoretycznych i metodologii obliczeniowej. Samodzielne wykonanie analiz i obliczeń, interpretacja wyników oraz autorstwo manuskryptów. W H4 wyjątek stanowiły symulacje DelPhi, przeprowadzone pod bezpośrednim nadzorem Habilitanta.

H5–H7 W H5 Współopracowanie koncepcji artykułu przeglądowego oraz przygotowanie określonych rozdziałów. W H6 opracowanie koncepcji i algorytmu symulacyjnego, jego implementacja, przeprowadzenie analiz oraz przygotowanie manuskryptu. W H7 współopracowanie koncepcji badań, współnadzór nad ich realizacją, analiza danych i obliczenia mikroskopowych stałych szybkości dysocjacji.

H8 Odpowiedzialność za cały proces analizy bioinformatycznej danych single-cell, w tym przygotowanie końcowych macierzy ekspresji i metadanych. Opracowanie i implementacja metody wizualizacji FLE, przygotowanie danych wejściowych do rozwoju modelu transportu optymalnego, analiza sygnatur genowych, identyfikacja stanów komórkowych i analiza interakcji międzykomórkowych. Przygotowanie rycin, części metodologicznej manuskryptu oraz danych do publicznego udostępnienia.

H9 Samodzielna realizacja pełnego procesu analizy bioinformatycznej danych single-cell, obejmującego przetwarzanie i kontrolę jakości danych, redukcję wymiarowości, grupowanie komórek oraz przygotowanie końcowych macierzy ekspresji i metadanych. Analizy ekspresji różnicowej, sygnatur genowych, wzbogacenia funkcjonalnego i interakcji międzykomórkowych. Przygotowanie rycin, części manuskryptu i danych do repozytorium GEO.

H10 Opracowanie koncepcji naukowej Ocelli, zaproponowanie metod wielomodalnych map dyfuzji i wizualizacji danych, nadzór nad rozwojem algorytmów i analizami porównawczymi. Opracowanie strategii analitycznej, interpretacja wyników, koordynacja przygotowania publikacji oraz autorstwo około 50% jej tekstu.

Na szczególne podkreślenie zasługuje zakres samodzielności Habilitanta w publikacjach H3, H4 i H6. Prof. Robert Hołyst potwierdza w swoim oświadczeniu, że dr Tabaka przeprowadził całość analiz przedstawionych w tych pracach, przy czym w przypadku H4 wskazano wyjątek dotyczący symulacji DelPhi, wykonanych pod jego nadzorem. Odpowiedzialność Habilitanta obejmowała również opracowanie koncepcji badawczych, metodologii obliczeniowej, interpretację wyników oraz przygotowanie manuskryptów. Stanowi to przekonujący dowód jego samodzielności w prowadzeniu badań teoretycznych i obliczeniowych.

Równie istotny jest wkład w wieloautorskie publikacje H8 (Cell, 2019) i H9 (Nature, 2021). Oświadczenia prof. Jiana Shu oraz prof. Vijaya K. Kuchroo jednoznacznie potwierdzają, że dr Tabaka odpowiadał za całościowe procesy analizy bioinformatycznej, w tym samodzielne przygotowanie końcowych macierzy ekspresji genów i związanych z nimi metadanych. Jego rola nie ograniczała się jednak do technicznego przetwarzania danych. Obejmowała również projektowanie i realizację analiz stanów komórkowych, sygnatur genowych (czy raczej sygnatur ekpspersji genow) oraz interakcji międzykomórkowych, które dostarczyły istotnych przesłanek do interpretacji biologicznej uzyskanych wyników. W H8 dodatkowym oryginalnym osiągnięciem Habilitanta było opracowanie i implementacja metody wizualizacji FLE. Należy jednocześnie zaznaczyć, że udokumentowany wkład w rozwój analiz opartych na transporcie optymalnym nie oznacza wyłącznego autorstwa całej metody transportu optymalnego.

Szczególnie istotnym potwierdzeniem dojrzałości i samodzielności naukowej Habilitanta jest publikacja H10, dotycząca opracowania narzędzia Ocelli. Zgodnie z oświadczeniem współautora, Piotra Rutkowskiego, dr Tabaka był autorem koncepcji naukowej projektu, zaproponował kluczowe rozwiązania metodologiczne, nadzorował rozwój algorytmów i analizy porównawcze oraz koordynował przygotowanie manuskryptu. Oznacza to przejęcie odpowiedzialności nie tylko za wykonanie analiz, lecz również za wyznaczenie kierunku rozwoju narzędzia bioinformatycznego i jego zastosowań badawczych.

Przedstawione oświadczenia w sposób przekonujący dokumentują wysoki stopień samodzielności naukowej dr. Marcina Tabaki. Szczególne znaczenie ma konsekwentnie wykazywana zdolność do formułowania oryginalnych problemów badawczych, opracowywania i wdrażania metod obliczeniowych oraz wykorzystywania ich do rozwiązywania istotnych zagadnień biologicznych. Zakres i charakter udokumentowanego wkładu wskazują, że Habilitant jest nie tylko doświadczonym specjalistą w zakresie analiz bioinformatycznych, lecz również samodzielnym badaczem zdolnym do inicjowania, rozwijania i kierowania oryginalnymi przedsięwzięciami naukowymi.

2.4. Jakość publikacji i wpływ naukowy

Osiągnięcie obejmuje publikacje w czasopismach o najwyższej rozpoznawalności międzynarodowej, w tym Nature, Cell, PNAS i Nucleic Acids Research. Prestiż miejsca publikacji nie zastępuje jednak oceny treści. W tym przypadku idzie on w parze z oryginalnością podejmowanych problemów, zaawansowaniem metodologicznym i udokumentowanym wykorzystaniem wyników przez innych badaczy.

Według danych podanych w autoreferacie (Web of Knowledge, stan na 18 listopada 2025 r.) dziesięć prac H1–H10 uzyskało łącznie 1060 cytowań:

Praca	**Czasopismo / rok**	**Cytowania**
H1	PNAS / 2010	79
H2	Physical Review E / 2015	26
H3	Nucleic Acids Research / 2014	53
H4	Soft Matter / 2013	18
H5	Frontiers in Physics / 2014	67
H6	Physical Review E / 2015	5
H7	PLOS ONE / 2016	4
H8	Cell / 2019	530
H9	Nature / 2021	278
H10	NAR Genomics and Bioinformatics / 2025	0
Łącznie		1060

Na szczególną uwagę zasługują prace H8 i H9, które łącznie uzyskały 808 cytowań, tj. około 76% cytowań całego cyklu. Dane te potwierdzają duże oddziaływanie tych publikacji, choć różnice w wieku prac, dyscyplinach i wielkości zespołów badawczych wymagają ostrożności przy bezpośrednim porównywaniu liczników. Brak cytowań najnowszej pracy H10 w przyjętym punkcie czasowym nie powinien stanowić podstawy do negatywnej oceny jej wartości naukowej.

Cytowania i wskaźniki bibliometryczne przedstawione w autoreferacie odnoszą się do stanu na 18.11.2025 r. Według danych bazy Scopus na listopad 2026 r., dorobek naukowy dr. Marcina Tabaki obejmuje 4628 cytowań, a indeks

Hirscha wynosi 24. Warto również odnotować, że najnowsza publikacja H10, przedstawiająca narzędzie Ocelli (2025), uzyskała już 5 cytowań, co wskazuje na rosnące zainteresowanie opracowaną metodą.

Wysoka jakość i rozpoznawalność prac, w połączeniu z udokumentowanym udziałem Habilitanta, wyróżnia oceniany cykl na tle osiągnięć przedstawianych w krajowych postępowaniach habilitacyjnych. Osiągnięcie reprezentuje najwyższy światowy poziom naukowy i stanowi istotny wkład w rozwój nauk biologicznych.

3. Ocena pozostałego dorobku naukowego

Zgodnie z zestawieniem w autoreferacie całkowity dorobek dr. Tabaki obejmuje 38 publikacji, z czego 35 ukazało się po uzyskaniu stopnia doktora. Dwadzieścia pięć prac opublikowanych po doktoracie pozostaje poza cyklem H1–H10. Według danych Web of Knowledge z 18 listopada 2025 r. całkowita liczba cytowań wynosi 3704 (3661 bez autocytowań), a indeks Hirscha 23 (Web of Knowledge i Scopus; 24 według Google Scholar). Autoreferat podaje ponadto cztery patenty przyznane lub zgłoszone. Wartości te odnoszą się do całego dorobku i nie powinny być utożsamiane z bibliometrią samego cyklu habilitacyjnego.

Pozostałe publikacje dotyczą zastosowania zaawansowanych analiz obliczeniowych do różnorodnych zagadnień biologicznych, w tym badań nad nowotworami, immunologią oraz biologią siatkówki. Wśród osiągnięć o znaczeniu praktycznym wymieniono także narzędzia Ocelli, Waddington OT, scSVA oraz Mesokin. Ich udostępnienie i rozwój stanowią istotny element dorobku metodologicznego, umożliwiający wykorzystywanie rezultatów badań przez szerszą społeczność naukową.

Pozostały dorobek potwierdza wszechstronność naukową Habilitanta i zdolność do przenoszenia zaawansowanych metod ilościowych pomiędzy różnymi obszarami biologii. Nie ogranicza się on do jednego zagadnienia ani do współautorstwa prac w ramach pojedynczego konsorcjum, lecz pokazuje konsekwentnie rozwijaną specjalizację badawczą.

4. Ocena aktywności naukowej, współpracy, organizacji badań i dydaktyki

4.1. Projekty i samodzielność organizacyjna

Dokumentacja przedstawia rozbudowaną i tematycznie spójną aktywność grantową Habilitanta, obejmującą zarówno rozwój oryginalnych metod matematycznych i obliczeniowych, jak i ich zastosowanie w badaniach biologicznych i biomedycznych. W ramach programów MAB (2020–2023) i MAB II (2024–2028) dr Tabaka pełnił funkcję kierownika Grupy Genomiki Obliczeniowej w Międzynarodowym Centrum Badań Oka. Szczególnie istotne są kierowane przez niego projekty SONATA BIS 12 (2023–2028), poświęcony kompleksowemu, wielomodalnemu profilowaniu stanów chromatyny i ekspresji genów w pojedynczych komórkach, oraz OPUS 28 (2025–2029), dotyczący wysokoprzepustowego, wielomodalnego profilowania pojedynczych mikroorganizmów w badaniach mikrobiomu. Kolejnym przykładem jest projekt ministerialny realizowany w ramach programu „Nauka dla Społeczeństwa II" (2024–2027), ukierunkowany na opracowanie nowej metody profilowania pojedynczych komórek do badań nowotworów. W ramach programu WEAVE-UNISONO (2024–2027) Habilitant kieruje polską częścią międzynarodowego projektu dotyczącego przestrzennych uwarunkowań oporności na immunoterapię nowotworów. Dokumentacja obejmuje ponadto współkierowanie projektami OPUS poświęconymi modelowaniu mikrośrodowiska nowotworowego oraz badaniu wpływu diety na procesy gojenia ran.

Na podkreślenie zasługuje ciągłość i konsekwentny rozwój programu badawczego Habilitanta. Już w latach 2011–2012, w ramach kierowanego przez siebie grantu ministerialnego Iuventus Plus, dr Tabaka realizował projekt

dotyczący mezoskopowego, kinetycznego modelowania regulacji operonu tryptofanowego (Mesoscopic, kinetic model of trp operon regulation). Od tych wczesnych badań nad matematycznym opisem mechanizmów regulacji ekspresji genów jego działalność naukowa ewoluowała w kierunku coraz bardziej złożonych systemów biologicznych, czego wyrazem są projekty SONATA BIS i OPUS 28, poświęcone rozwojowi zaawansowanych technologii i metod wielomodalnego profilowania molekularnego pojedynczych komórek i mikroorganizmów. Ewolucja ta nie stanowi przypadkowej zmiany zainteresowań badawczych, lecz odzwierciedla konsekwentne rozwijanie ilościowego i systemowego podejścia do biologii, od modelowania podstawowych procesów molekularnych po kompleksową charakterystykę heterogeniczności komórkowej i mechanizmów regulacyjnych.

Przedstawiona aktywność grantowa świadczy nie tylko o zdolności Habilitanta do skutecznego pozyskiwania konkurencyjnego finansowania i kierowania zespołami badawczymi, lecz również o umiejętności formułowania oryginalnych programów naukowych. Wysoko oceniam konsekwencję, z jaką dr Tabaka rozwija własne podejścia metodologiczne, dostosowując je do nowych możliwości technologicznych i coraz bardziej złożonych problemów biologicznych. Stanowi to dodatkowe potwierdzenie jego dojrzałości, samodzielności naukowej oraz zdolności do wyznaczania kierunków badań wpisujących się w dynamiczny rozwój współczesnej biologii systemowej i genomiki pojedynczych komórek.

Na uwagę zasługuje tez rozwijanie własnego programu badawczego w Grupie Genomiki Obliczeniowej/ Computational Genomics Group, którą Habilitant kieruje od 2020 r. Zdolność do pozyskiwania środków w konkurencyjnych konkursach oraz budowania zespołu i zaplecza analitycznego jest istotnym dowodem samodzielności naukowej, wykraczającym poza aktywność publikacyjną.

4.2. Współpraca krajowa i międzynarodowa

Współpraca międzynarodowa stanowi szczególnie mocny element kariery dr. Tabaki. Wieloletni pobyt w laboratorium prof. Aviv Regev w Broad Institute of MIT oraz późniejsze współautorstwo prac z zespołami o międzynarodowej renomie wskazują na zdolność do pracy w najbardziej wymagającym środowisku naukowym. Autoreferat dokumentuje współpracę z licznymi ośrodkami krajowymi i zagranicznymi, w tym instytucjami w Stanach Zjednoczonych i Europie.

Oświadczenia współautorów pokazują, że Habilitant wnosił do wspólnych projektów kluczowe kompetencje analityczne i metodologiczne. **Jest to przykład wartościowej współpracy interdyscyplinarnej, w której indywidualna specjalizacja badacza realnie wpływa na możliwość formułowania i weryfikacji hipotez biologicznych. Szczególnie wysoko oceniam fakt, że Habilitant nie tylko uczestniczył w projektach prowadzonych przez uznane międzynarodowe zespoły badawcze, lecz również potrafił rozwijać i utrzymywać wieloletnią współpracę naukową, skutecznie wykorzystując swoje kompetencje metodologiczne w badaniach o istotnym znaczeniu biologicznym i potencjale translacyjnym. Potwierdzeniem tego są również publikacje i osiągnięcia naukowe wykraczające poza cykl habilitacyjny, przedstawione w części recenzji poświęconej pozostałemu dorobkowi naukowemu Habilitanta.**

4.3. Działalność dydaktyczna, opieka naukowa i ekspercka

Habilitant pełni funkcję promotora pomocniczego kilku doktorantów oraz sprawuje opiekę naukową nad młodszymi badaczami. Prowadził także zajęcia i wykłady specjalistyczne, m.in. podczas Summer School of Single Cell oraz w Podyplomowej Szkole Medycyny Molekularnej. Dokumentacja wskazuje również na aktywność recenzencką dla czasopism naukowych i instytucji finansujących badania.

Aktywność w zakresie kształcenia młodych naukowców, mentoringu, recenzowania i organizacji badań stanowi istotne uzupełnienie dorobku publikacyjnego. Potwierdza zdolność Habilitanta do odpowiedzialnego prowadzenia samodzielnej działalności naukowej i rozwijania kolejnego pokolenia badaczy.

5. Konkluzja końcowa

Po zapoznaniu się z przedstawioną dokumentacją habilitacyjną oceniam dorobek naukowy dr. Marcina Tabaki wyjątkowo wysoko. Cykl publikacji H1–H10 jest spójny koncepcyjnie, oryginalny i metodologicznie zaawansowany, a jego wyniki wniosły istotny wkład w rozwój biologii obliczeniowej, biofizyki oraz badań nad heterogenicznością komórkową. Szczególne znaczenie ma dobrze udokumentowany, twórczy i w wielu przypadkach wiodący wkład Habilitanta w powstanie przedstawionych prac, potwierdzony szczegółowymi oświadczeniami współautorów.

Na szczególne podkreślenie zasługuje fakt, że całokształt działalności naukowej Habilitanta wpisuje się w rozwój biologii systemowej (systems biology), której istotą jest ilościowe i zintegrowane badanie złożonych procesów biologicznych. Począwszy od wczesnych prac poświęconych stochastycznej regulacji ekspresji genów i biofizyce oddziaływań molekularnych, poprzez modelowanie dynamiki stanów komórkowych, aż po rozwój zaawansowanych metod analizy wielomodalnych danych pojedynczych komórek, dorobek dr. Tabaki wykazuje wyjątkową konsekwencję metodologiczną i koncepcyjną. Kierunek jego działalności naukowej trafnie przewidział rosnące znaczenie ilościowych i obliczeniowych metod badania złożoności biologicznej, szczególnie w obszarze genomiki pojedynczych komórek (single-cell genomics), która stała się jednym z najdynamiczniej rozwijających się obszarów współczesnych nauk biologicznych.

Przedstawione osiągnięcie naukowe reprezentuje najwyższy poziom światowy. Jakość publikacji, ich znaczące oddziaływanie naukowe, oryginalność opracowanych metod, wysoki stopień samodzielności Habilitanta oraz jego aktywny udział w ambitnych projektach międzynarodowych składają się na dorobek wyróżniający się na tle osiągnięć przedstawianych w krajowych postępowaniach habilitacyjnych. Dodatkowo pozostały dorobek publikacyjny, wieloletnia współpraca z wybitnymi naukowcami, kierowanie projektami badawczymi i własnym zespołem oraz aktywność dydaktyczna i ekspercka potwierdzają jego dojrzałość naukową i zdolność do samodzielnego wyznaczania nowych kierunków badań.

W świetle przedstawionej dokumentacji stwierdzam, że dr Marcin Tabaka w pełni spełnia przesłanki określone w art. 219 ust. 1 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce. Przedstawione osiągnięcie naukowe oraz całokształt dorobku Habilitanta oceniam wyjątkowo wysoko, uznając je za wyróżniające się pod względem oryginalności naukowej, znaczenia poznawczego, zaawansowania metodologicznego oraz udokumentowanej samodzielności badawczej. Dorobek ten reprezentuje najwyższe naukowe standardy i w sposób szczególnie przekonujący uzasadnia nadanie stopnia doktora habilitowanego. W związku z powyższym z pełnym przekonaniem **wnoszę o nadanie dr. Marcinowi Tabace stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne**.

Berlin, 20/11/2026

Pawel Lisowski Digitally signed by Pawel Lisowski
Date: 2026.11.20 16:42:36 +01'00'

.....

Podpis Recenzenta