

WYKAZ POZOSTAŁYCH OSIĄGNIĘĆ W PRACY NAUKOWO-BADAWCZEJ

imię i nazwisko habilitanta: **Karol Kozak**

data urodzenia: **27.07.1976**

Ocena biblioteczna:

Liczba cytowań: **267** (ISI Web of Science 1945-2012 z dnia 31.10.2012 r.)

Współczynnik Hirscha wg bazy Web of Science wynosi: **7**

Łączna punktacja: IF = **91,39**

KBN/MNiSW = **291**

1. Rozprawa doktorska

„Klasyfikacja danych z biologicznych analiz wieloprzepustowych za pomocą adaptacyjnych metod k-najbliższych sąsiadów” grudzień 2007, Wydziału Informatyki Politechniki Śląskiej w Gliwicach (promotor: prof. dr hab. Katarzyna Stąpor).

2. Oryginalne opublikowane prace twórcze po doktoracie:

1. **Kozak K.:** Herausforderung durch hohe Datenmengen aus OLED-Biosensoren. Meditronic-Journal, 4/2013

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 100%):

2. Shaoli D., Ghosal S., Chakrabarti J. and **Kozak K.:** SeedSeq - off-target transcriptome database. BioMed Research International, 2013.

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 60%):

pomysł i koncepcja badań i pracy, zebranie materiału do badań w Szwajcarii, prowadzenie projektu programistycznego; przeważający udział w przygotowaniu publikacji (w tym ujęcie i dyskusja problemu i poszczególnych zagadnień, koncepcja bioinformatyczna, wnioski), korekta pracy po recenzjach.

3. Biernatowska A., Podkalicka J., Majkowski M., Hryniewicz-Jankowska A., Augoff K., **Kozak K**, Korzeniewski J, Sikorski A.F.: The role of MPP1/p55 and its palmitoylation in resting state raft organization in HEL cells. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular Cell Research, 2013, March, DOI: 10.1016/j.bbamcr.2013.03.009

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 20%, ocena off-target wkład procentowy 100%):

prowadzenie analizy siRNA i przewidywanie skutków ubocznych off-target; częściowy udział w przygotowaniu publikacji (w tym ujęcie części bioinformatycznej).

4. Michel P., Aloyse A., Trefois C., Stojanovic A., Sagatovich Baumuratov A., **Kozak K**: Light microscopy applications in systems biology: opportunities and challenges. Cell Communication and Signaling, 2013, 11:24 doi:10.1186/1478-811X-11-24

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 40%, opis systemów zarządzania danymi eksperymentalnymi 100%):

przygotowanie materiałów dotyczących systemów workflow oraz systemów zarządzania danymi, przygotowanie manuskryptu, recenzja.

5. **Kozak K.**, Stapor K.: SiRNA sequence model: redesign algorithm based on available genome wide libraries. Journal of Biomolecular Structure and Dynamics, J Biomol Struct Dyn. 2012 Dec 20.

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%):

pomysł i koncepcja badań i pracy, zebranie materiału do badań w instytucie ETH w Zurychu, prowadzenie projektu bioinformatycznego; przeważający udział w przygotowaniu publikacji (w tym ujęcie i dyskusja problemu i poszczególnych zagadnień, koncepcja bioinformatyczna, wnioski), korekta pracy po recenzjach.

6. Hamecher J., Riess T., Bertini E., **Kozak K.**, Kastl J., Mayer T.U, Merhof D.: A versatile framework for the analysis of high-throughput screening data, Computational Biology, 2011

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 30%, opis systemów workflow i analizy obrazów cyfrowych 100%):

przygotowanie algorytmów i metod do analizy obrazów pochodzących z eksperymentów RNAi, częściowe przygotowanie manuskryptu, pomoc w korekcie pracy po recenzji.

7. **Kozak, K.**, Csucs, G.: HCIP- imageJ in workflow based environment. Computational Biology, 2011

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%):

pomysł i koncepcja badań i pracy, zebranie materiału do badań w instytucie ETH w Zurychu, prowadzenie projektu analizy obrazów cyfrowych; przeważający udział w przygotowaniu publikacji (w tym ujęcie i dyskusja problemu i poszczególnych zagadnień, koncepcja przetwarzania obrazów, wnioski do manuskryptu), korekta pracy po recenzjach.

8. **Kozak K.**, Kaestner S., Wild T, Vonderheit A, Misselwitz B, Kutay U, Csucs G: New Generation Algorithm For Analysis Of Off-target Effects In Sirna Screens Paper. Springer-Verlag in a CCIS Series book, 2013

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 50%):

pomysł i koncepcja badań i pracy, zebranie materiału do badań w Szwajcarii, prowadzenie analiz off-target; przeważający udział w przygotowaniu publikacji i algorytmów do off-target (w tym ujęcie i dyskusja problemu i poszczególnych zagadnień, koncepcja bioinformatyczna, wnioski), korekta pracy po recenzjach.

9. Davies, A., **Kozak K.**, Djaballah, H., Arkin, M., Lemmon, V., Turpin, P., Zock, J.: High Content Analysis Roundtable, International Drug Discovery, 2011

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 40%):

pomysł i koncepcja panelu opisującego inicjatywę, zebranie materiału do roundtable, częściowy udział w przygotowaniu publikacji (w tym ujęcie i dyskusja problemu i poszczególnych zagadnień).

10. Wild T., Horvath P., Wyler E., Widmann B., Badertscher L, Zemp I., **Kozak K.**, Csucs G., Lund E, Kutay U.: A protein inventory of human ribosome biogenesis reveals an essential function of Exportin 5 in 60S subunit export, Plos Biology, 2010

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 20%, baza danych 100%):

pomysł i koncepcja bazy danych, zebranie materiału do opisu modelu bazy danych, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta publikacji po recenzjach.

11. **Kozak K.**, Bakos G., Hoff A., Bennett E., Dunican D., Davies A., Kelleher D., Long A., Csucs G.: Workflow based software environment for large-scale biological experiments. Journal of Biomolecular Screening, Special Issue – HCS, doi:10.1177/1087057110377354

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 60%):

pomysł i koncepcja badań i pracy, zebranie algorytmów do systemu workflow, prowadzenie projektu workflow przeważający, przeważający udział w przygotowaniu publikacji (w tym ujęcie, dyskusja problemu i poszczególnych zagadnień, wnioski), korekta pracy po recenzjach.

12. **Kozak K.**, Bauch B., Csucs G., Pylak T. & Rinn B.: Towards a comprehensive open source platform for management and analysis of High Content Screening data, European Pharmaceutical Review, Issue 4, 08.2010

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 50%):

pomysł i koncepcja badań i pracy, zebranie materiałów do systemu bazy danych, prowadzenie projektu bazy danych, przeważający udział w przygotowaniu publikacji (w tym ujęcie, dyskusja problemu i poszczególnych zagadnień, wnioski), korekta pracy po recenzjach.

13. **Kozak, K.**, Agraval, A., Machuy, N., and Csucs, G. (07/2009): Data Mining Techniques in High Content Screening. J Comput Sci Syst Biol 2: 219-239. doi:10.4172/jcsb.1000035.

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 60%):

pomysł i koncepcja manuskryptu, zebranie materiałów do pracy przeglądowej, przeważający udział w przygotowaniu manuskryptu, korekta pracy po recenzjach.

14. Misselwitz. B , Strittmatter B., Periaswamy,B., Schlumberger, M. C, Rout, S., Horvath, P., **Kozak, K.**, Hardt W., D.: CellClassifier: a multi-class classification tool for microscopy images . BMC Bioinformatics, 2010;11:30

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 20%, baza danych 100%):

pomysł i koncepcja bazy danych, zebranie materiału do opisu modelu bazy danych, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta pracy po recenzjach.

15. **Kozak K.**, Firkowski A., Csucs, G.: Open source data management in High Content Screening technology. European Pharmaceutical Review, 2009, 02, 16-24

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%):

pomysł i koncepcja manuskryptu, zebranie materiałów dopracę przeglądownej, przeważający udział w przygotowaniu manuskryptu, korekta pracy po recenzjach.

16. Kittler R., Pelletier L., Heninger A.K., Słabicki M., Theis M., Mirosław L., Poser I., Lawo S., Grabner H., **Kozak K.**, Wagner J., Surendranath V., Richter C., Bowen W., Jackson A.L., Habermann B., Hyman A.A., Buchholz F.: Genome-scale RNAi profiling of cell division in human tissue culture cells, Nature Cell Biology, 2007, 9, 1401 – 1412.

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 20%, baza danych 100%, analiza obrazów cyfrowych 40%):

pomysł i koncepcja modelu bazy danych, implementacja, przygotowanie algorytmów do analizy obrazów, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta pracy po recenzjach.

3. Oryginalne opublikowane prace twórcze przed doktoratem:

17. Heninger A.K, Kozak K., Kittler R., Wagner J., Lohmann A., Poser I., Grabner H., Krausz E., Buchholz F.: RNAi Libraries for Functional Genomics. Avoid the Difficulties of Predicting Efficient siRNAs and the Cost of Chemical Synthesis. GEN Nov, 2006, Vol. 26, No. 19, 12-16

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 30%, baza danych 100%, analiza obrazów cyfrowych 40%):

pomysł i koncepcja modelu bazy danych, implementacja, przygotowanie algorytmów do analizy obrazów, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta pracy po recenzjach.

18. Kittler, R., Surendranath, V., Heninger, A.K., Słabicki, M., Theis, M., Putz, G., Franke, K., Caldarelli, A., Grabner, H., **Kozak, K.**, Wagner, J., Rees, J., Korn, B., Sachse, C., Soennichsen, B., Guo, J., Schelter, J., Burchard, J., Linsley, P., Jackson, A.L., Habermann, B. and Buchholz, F. (2007): Genome-wide Resource of Endoribonuclease-prepared short interfering RNA for specific loss-of-function studies in Human, Mouse and Rat. Nature Methods, 4, 337-44: A

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 30%, baza danych 100%, analiza obrazów cyfrowych 40%):

pomysł i koncepcja modelu bazy danych, implementacja, przygotowanie algorytmów do analizy obrazów, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta pracy po recenzjach.

19. **Kozak K.**, Eshun B. and Oegema J.: The handling and analysis of large scale high content screening data. *European Pharmaceutical Review*, 2007, 3, 31-35.

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%):

pomysł i koncepcja manuskryptu, przygotowanie infrastruktury, przeważający udział w przygotowaniu manuskryptu, korekta pracy po recenzjach.

20. **Kozak K.**: Automated Data Flow and Quality Control Practice in High-Content Screening, *Saechsische Biotechnologiebuch, Dresden Verlag*, 2007, 11

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 100%):

21. **Kozak K.**, Kozak M., Stapor K.: Optimization of the SVM Screening Kernel. Application to Hit Definition in Compound Screening. *Computer Recognition Systems*, Springer, 2007, 224-231, DOI10.1007/978-3-540-75175-5 2

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%):

pomysł i koncepcja algorytmu, przygotowanie implementacji i zastosowania w screenach, przeważający udział w przygotowaniu manuskryptu, korekta pracy po recenzjach.

22. **Kozak K.**, Kozak M., Stapor K.: Kernels for chemical compounds in biological screening, Springer Verlag, *Computer Science*, 2007, DOI10.1007/978-3-540-71629-7_37, 327-337

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%):

pomysł i koncepcja algorytmu kernel, przygotowanie implementacji i zastosowania w screenach, przeważający udział w przygotowaniu manuskryptu, korekta pracy po recenzjach.

23. **Kozak K.**, Kozak M., Stapor, K.: Weighted k-Nearest-Neighbor Techniques for High Throughput Screening Data. *International Journal of Biomedical Sciences*, 2006, 155 -160.

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%):

pomysł i koncepcja algorytmu klasyfikatora, przygotowanie implementacji i zastosowania w eksperymencie, przeważający udział w przygotowaniu manuskryptu, korekta pracy po recenzjach.

24. Grabner H., Heninger A. K, Kittler R., Lohmann A., Poser I., Wagner J., **Kozak K.**, Buchholz F., Krauß E.: Production of a genome-wide RNA interference library for functional gene characterization in cultured human cells. Tecan Journal 2006, vol 2 ,10-12

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 30%, baza danych 100%, analiza obrazów cyfrowych 40%):

pomysł i koncepcja modelu bazy danych, implementacja, przygotowanie algorytmów do analizy obrazów, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta pracy po recenzjach.

25. **Kozak K.**, Kozak M., Krausz, E.: SIB: database and tool for the integration and browsing of large scale image high-throughput screening data. IEEE, DEXA, 2006, pp.201-205

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%,):

pomysł i koncepcja modelu bazy danych, implementacja, przygotowanie algorytmów do analizy obrazów, większościowy udział w przygotowaniu publikacji, korekta pracy po recenzjach.

26. Proszynski T.J., Klemm R., Gravert M., Hsu P., Wagner J., **Kozak K.**, Grabner H., Habermann H., Bagnat M., Simons K., Walch-Solimena K.: A visual screen for sorting mutants in yeast biosynthetic pathways using the systematic deletion mutant array. PNAS, 2005, December 13; 102(50): 17981–17986

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 30%, baza danych 100%, analiza obrazów cyfrowych 40%):

pomysł i koncepcja modelu bazy danych, implementacja, przygotowanie algorytmów do analizy obrazów, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta pracy po recenzjach.

27. Krausz, E., Heninger, A.K., Kittler, R., Lohmann, A., Poser, I., Wagner, J., **Kozak, K.**, Grabner, H. And Buchholz, F.: Eine Genom-weite RNA-Interferenz-Bibliothek für die funktionelle Charakterisierung aller Gene in kultivierten, menschlichen Zellen (in german). BIOSpektrum 2005; 11:436-441.

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 30%, baza danych 100%, analiza obrazów cyfrowych 40%):

pomysł i koncepcja modelu bazy danych, implementacja, przygotowanie algorytmów do analizy obrazów, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta pracy po recenzjach.

28. Heninger, A.K., Franke, K., Kittler, R., **Kozak, K.**, Wagner, J., Slabicki, M., Ding, L. and Buchholz, F.: Generation of mouse esiRNA library, FunGenEs, 2005, 44-51

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 30%, baza danych 100%, analiza obrazów cyfrowych 40%):

pomysł i koncepcja modelu bazy danych, implementacja, przygotowanie algorytmów do analizy obrazów, częściowy udział w przygotowaniu publikacji, częściowa korekta pracy po recenzjach.

29. **Kozak, K.:** Methods for increasing of information search quality – automatic categorization. Study of Informatics, 2004, Volume 25, No. 3, 59-69

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 100%):

4. Podręczniki i skrypty

1. **Książka:** Kozak, K.: Large Scale Data Handling in Biology, Publisher: Ventus Publishing , 2010

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 100%):

2. **Rozdział książki:** Kozak, K. and Stapor, K. (2008): Classes of Kernels for Hit Definition in Compound Screening. Book Chapter, Artificial Intelligence 2008, ICAISC, DOI10.1007/978-3-540-69731-2_59 Pages 609-61

wkład własny (K. Kozak, wkład procentowy 70%):

pomysł i koncepcja algorytmu funkcji jądra, przygotowanie implementacji i zastosowania w eksperymencie, przeważający udział w przygotowaniu manuskryptu, korekta pracy po recenzjach.

5. Pozostałe publikacje naukowe lub twórcze opracowania dzieł artystycznych (tu: np. doniesienia, komunikaty konferencyjne)

1. Kozak K., Kozak M., Korn K., Stoeter M., Fava E., Wagner J., Krausz E.: Screening Image Browser: Database and Tool for the Integration, Browsing and Analysis of Large Scale Image High-Content Screening Data. Screening Europe, Barcelona 2007, Spain
2. Kozak K.: HTS Data Scanner: Visualization und Evaluation of Clusters for Exploratory Analysis of Multi-parametric Cell Based Assays, High-Content Analysis 2007, January 23-26, 2007, San Francisco, USA.
3. Kozak K.: Storage and Statistical Practice in High-Content Screening Data Management, CehmBioNet, December 2006, Frankfurt, Germany.
4. Hoepfner S., Keller J.F., Korn K., Kozak K., Fava E., Grabner H., Klemm J., Schmitt J.; Wagner J., Krausz E., Zerial M.: Genome-Wide High-Content Screening in the Model

- Organism *C. elegans*. 12th Annual SBS Conference and Exhibition, Society of Biomolecular Sciences, 2006, September 17-21, Seattle, USA.
5. Kozak K.: Bioinformatics solutions for comprehensive management and analysis of large scale biological data. Trilateral Workshop, 2006, November 16-17, Warsaw, Poland
 6. Kozak K.: Storage and Statistical Practice in High-Content Screening Data Management. High Content Analysis 2006, November 6-8, Vienna, Austria
 7. Kozak K., Heninger A.K, Poser I., Slabicki M., Buchholz F., Krausz E.: Library Production: a Database for the Enzymatic Production of Small Interfering RNA (siRNA)". Life Science Automation 2006, September 14-15, Rostock, Germany
 8. Kozak K., Kozak M., Stapor K., Grabner H., Korn K., Krausz, E.: LIMS: a Platform for Comprehensive Management and Analysis of Screening Data. Life Science Automation 2006, September 14-15, Rostock, Germany
 9. Kozak K., Wagner J., Fava E., Stapor K., Grabner H., Korn K., Krausz E.: SiB: screening image browser. RIGHT Symposium on RNA Interference and High-Content Screening. 2006, September 11-12
 10. Fava E., Moebius C., Grabner H., Korn K., Poser I., Lohmann A., Wagner J., Kozak K., Zerial M., Krausz, E.: High-Content Screening Using a Human Kinase siRNA Library: Screening Design and Applications. High-Content Analysis 2008, January 25-28, San Francisco, USA.
 11. Kozak K., Tschida U., Beier G., Dasari V., Schlüpmann M., Schier H.: Unicode: Problem oder Lösung am Beispiel EDOC Jahrbuch Format. CPT-Herbsttagung 2003, Leipzig, Germany

Zaproszenia na wystąpienia plenarne i organizowanie warsztatów

1. Welcome Trust Center, Dundee, UK, 06.2006 – invited speaker
2. RIGHT Symposium, Dresden, Germany, 09.2006 – invited speaker
3. IIMCB, Warsaw, Poland, 10.2006 – invited speaker
4. ChemBioNet, Frankfurt, Germany 12.2006 – invited speaker
5. University of Chicago, Chicago, US, 01.2007 – invited speaker
6. HCS, San Francisco, US, January, 01.2007- invited speaker
7. Screening Europe, Barcelona, Spain, 02.2007 – invited speaker
8. CNIO, Madrid, Spain, 05.2007 – invited speaker
9. HCA Europe, Berlin, Germany, 03.2008- invited speaker
10. SBS, St. Louis, US, 04.2008, Society for Biomolecular Sciences – workshop organizer
11. SBS, St. Louis, US, 04.2008, Society for Biomolecular Sciences – session speaker
12. Cell Based Assays, Munich, Germany, 05.2008, Informa – Biostatics
13. Protein Congress, Berlin, Germany, 10.2008 – invited speaker
14. HCS, San Francisco, US, January, 01.2009 - workshop instructor
15. HCS, San Francisco, US, January, 01.2009 - session speaker
16. High Content Analysis Conference, Barcelona, Spain, 03.2009, Informa – chair of conference, Biostatics
17. High Content Analysis Conference, Barcelona, Spain, 03.2009, Informa – chair of conference, Biostatics
18. Global Discovery & Development, London, 03.2009, Keynote Speaker, Advisory Board
19. Translational Imaging in Drug Development, London, 04.2009 – session speaker

20. HCS, Boston, US, September, 09.2009 - workshop instructor
21. HCS, Boston, US, September, 09.2009 - session speaker
22. HCS, San Francisco, US, January, 01.2010 - workshop instructor
23. HCS, San Francisco, US, January, 01.2010 - session speaker

6. Wykaz prac naukowo+badawczych zastosowanych w praktyce

Lp. Data Temat opracowania

1. 2003.10.22

Serwis internetowy „eDoc”, <http://edoc.mpg.de/> umożliwiający eksplorację danych tekstowych pochodzących z ośrodków naukowych Stowarzyszenie Maxa Plancka (MPG). Dzięki eDoc pracownicy naukowci MPG mają możliwość udostępnienia swoich wyników pracy naukowej, przez co podnoszą promocje swojej elektronicznej dokumentacji. Miałem okazję być jednym z głównych twórców tego systemu. Mój udział w tym projekcie polegał na pracy analitycznej systemu, modelowania schematu bazy danych i zastosowaniu metod analizy formatów tekstowych.

2. 2008.05.01

Platforma analizy danych typu „workflow”, <http://hcdc.ethz.ch> umożliwiająca analizę, klasyfikację, wizualizację danych RNAi oraz związków chemicznych. Platforma opisana jest w publikacji: Kozak, K. and Csucs, G.: Open source data management in High Content Screening technology. *European Pharmaceutical Review*, 16-24, 2/2009. Habilitant był głównym pomysłodawcą i koordynatorem prac, Gabor Csucs i odpowiadał za wsparcie finansowe i doradztwo technologiczne.

3. 2008.12.10

Program obróbki danych obrazowych „HCIP”, http://hcdc.ethz.ch/index.php?option=com_content&view=article&id=11&Itemid=10 umożliwiający automatyczną analizę obrazów fluorescencyjnych w formie „workflow”. Metoda zostanie opublikowana niebawem w publikacji Kozak, K., Csucs, G.: HCIP- imageJ in workflow based environment. *BMC Bioinformatics*, *under final revision*. Narzędzia te służą przede wszystkim, do automatycznej analizy fluorescencyjnych obrazów pochodzących z wysokoprzepustowych analiz biologicznych. Celem analizy jest segmentacja i detekcja komórek oraz innych obiektów uzyskanych za pomocą automatycznych mikroskopów. Szczególnie owocna okazała się możliwość korzystania z większości algorytmów automatycznej segmentacji obrazów fluorescencyjnych w formie workflow. Habilitant był pomysłodawcą projektu, pracował nad implementacją algorytmów i praktycznym zastosowaniem HCIP dla danych pochodzących z mikroskopowych eksperymentów.

4. 2009.01.15

Serwis internetowy “BioSpace” <http://biospace.ethz.ch>, jest jednym z najszybciej rozpowszechniających się portali internetowych dla środowiska ściśle biologicznego. BioSpace jest portalem społecznościowym w dziedzinie biologii. Dostarcza niezbędną funkcjonalność pozwalającą na wymianę informacji pomiędzy

instytucjami zajmującym się nauką i bio-technologią. Habilitant był jedynym i głównym pomysłodawcą oraz założycielem projektu.

5. 2009.05.01

Internetowa baza danych "OpenBis" <http://www.cisd.ethz.ch/software/openBIS>, jest systemem zarządzania i analizy danych mikroskopowych Kozak K., Bauch B., Csucs G., Pylak T. & Rinn B.: Towards a comprehensive open source platform for management and analysis of High Content Screening data, European Pharmaceutical Review, Issue 4, 08.2010 – data druku. Celem projektu było zbudowanie ogólnodostępnej bazy danych do zarządzania danymi typu obrazu fluorescencyjne oraz do analizy danych numerycznych. Szczególnym osiągnięciem w OpenBis jako pierwszego w świecie utworzonego i darmowo dostępnego systemu do WAG, było umożliwienie szybkiej analizy danych obrazowych, gromadzenie i wizualizacja efektu genów na komórkę. Wizualizacja i łatwy dostęp do obrazów umożliwił manualną walidację docelowych siRNA. Baza danych jest dostępna jako platforma „Open source”. Habilitant w tym projekcie budował strukturę systemu, tworzył koncepcję współpracując z zespołem inżynierów oprogramowania.

6. 2009.07.01

Obrazowa bioinformatyczna baza danych HCPD <http://hcdc.ethz.ch:8080/hitbase> zawierająca informacje dotyczące procesu biogenezy dla testu biologicznego kształtowania się rybosomu. Baza zawiera dane cząsteczek siRNA, informacje o genach oraz wyniki eksperymentu w formie obrazów fluorescencyjnych, anotacje genów, ich informacje o fenotypach oraz numerycznych wynikach eksperymentu. Habilitant był głównym twórcą tej bazy danych.

7. 2010.01.30

Program do klasyfikacji komórek "Enhance Cell Classifier" <http://yacc.ethz.ch> skupiający się na automatycznej analizie obrazów fluorescencyjnych oraz zawierający metody maszyn uczących (Misselwitz. B, Strittmatter B., Periaswamy, B., Schlumberger, M. C, Rout, S., Horvath' P., Kozak, K., Hardt W., D.: CellClassifier: a multi-class classification tool for microscopy images . BMC Bioinformatics. 2010). Narzędzie to służy przede wszystkim, do automatycznego uczenia zbiorów obrazowych oraz przeprowadzenia klasyfikacji za pomocą metod bazujących na funkcji jądra. Habilitant w tym projekcie pracował nad funkcjami jądra i klasyfikatorami.

8. 2012.06.30

Baza danych związków RNAi i „RNAiAtlas” <http://rnaiatlas.ethz.ch> oraz analizy bioinformatyczne związków RNAi skupiający się na scentralizowaniu bibliotek RNAi i wyników ich analizy (Mazur S., Csucs G., Kozak K.:RNAiAtlas: a database for RNAi (siRNA) libraries and their specificity, Oxford Bioinformatics, 2012). Narzędzie to służy przede wszystkim, do uzyskania informacji o dostępnych cząsteczkach siRNA, ich jakości wyciszania, modelowania dla specyficznego genu.

Wymienione opracowania dostarczyły szerokiej społeczności naukowej nowych metod usprawniających analizę funkcji genów oraz przewidywanie i klasyfikowanie potencjalnych cząsteczek biologicznych oraz chemicznych. Ułatwiają one analizę obrazów fluorescencyjnych oraz wizualizację danych w celu manualnej analizy i adnotacji danych wielowymiarowych.

7. Prace nie przeznaczone do druku - zastrzeżone

nie ma.

Drezno, 29.11.2013



