



Toruń, 16.05.2019

Prof. dr hab. Andrzej Wojtczak
Wydział Chemii UMK w Toruniu

**Ocena osiągnięcia habilitacyjnego dr. Szymona Krzywdy
„Wysokorozdzielcze rentgenograficzne struktury peptydaz i ich inhibitorów”
oraz całkowitego dorobku naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego
w postępowaniu prowadzonym przez Wydział Chemii
Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.**

Dr Szymon Krzywda pracuje na stanowisku adiunkta na Wydziale Chemii UAM w Poznaniu. Dr Krzywda złożył wniosek o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego na podstawie osiągnięcia naukowego zawartego w 8 pracach współautorskich opublikowanych w czasopiśmie z listy JCR. Przedstawiona do oceny dokumentacja osiągnięcia zatytułowanego „Wysokorozdzielcze rentgenograficzne struktury peptydaz i ich inhibitorów” spełnia formalne wymogi obowiązującej ustawy o stopniach i tytule naukowym.

Dr Krzywda ukończył studia na Wydziale Chemii UAM w 1991 roku, uzyskując stopień magistra biologii. Stopień doktora nauk chemicznych uzyskał na Wydziale Chemii UAM w 1998 roku na podstawie rozprawy „Badania krystalograficzne mutantów mioglobiny z *Sus domesticus*”. Promotorem rozprawy był prof. dr hab. Mariusz Jaskólski. W latach 1999-2003 Habilitant odbył staż w Department of Chemistry, University of York, UK. Moją uwagę zwrócił ponad 20-letni okres pomiędzy uzyskaniem stopnia doktora i datą złożenia wniosku o wszczęcie procedury habilitacyjnej, co wydaje się okresem nadmiernie wydłużonym, nawet jeśli uwzględnić kilkuletni staż w Anglii. Także brak publikacji po 2014 roku jest zastanawiający.

Ocena całkowitego dorobku naukowego

Zgodnie z przedłożoną dokumentacją, całkowity dorobek dra Krzywdy do chwili złożenia wniosku obejmuje 32 publikacje w czasopiśmie z listy JCR, oraz 3 prace w innych czasopiśmie międzynarodowych. Sumaryczny współczynnik oddziaływania (IF) podany w dokumentacji wynosi 110.7, indeks Hirscha 13 (WoS), liczba cytowani (WoS) 922. Wszystkie publikacje Habilitanta są wieloautorskie. Swoją udział w większości publikacji spoza osiągnięcia stanowiącego podstawę wniosku dr Krzywda ocenia na 15-30%, dla jednej 10% i dla jednej 40%. W dokumentacji Habilitant podał też swój wkład do każdej pracy.

Ilościowo dorobek publikacyjny Habilitanta można oceniać jako umiarkowany. Jednak w mojej opinii odpowiadające mu parametry naukometyczne są bardzo dobre, wyższe od parametrów w wielu znanych mi postępowaniach, i nie mam wątpliwości co do jego wysokiej jakości i istotnego oddźwięku w światowej społeczności naukowej.

Obok publikacji, ważną cechą dorobku Habilitanta są prezentacje konferencyjne. Dr Szymon Krzywda wygłosił 7 referatów oraz przedstawiał 15 innych współautorskich doniesień na konferencjach międzynarodowych i krajowych.

Habilitant wygłosił 5 wykładów na zaproszenie m.in. w Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, na Zjeździe PTBioch w Lublinie (2005), Wydział Chemii Uniwersytetu Gdańskiego (2006) i w Department of Plant & Environmental Sciences, University of Gothenburg, Göteborg, Szwecja (2008).

Dr Szymon Krzywda był 5-krotnie nagradzany za osiągnięcia naukowe. Był laureatem Programu Start Fundacji na Rzecz Nauki Polskiej (1996) dla wybitnych młodych uczonych, oraz Programu Kolumb - Stypendium Zagraniczne, (FNP) 1998 na odbycie stażu podoktorskiego w najlepszych ośrodkach naukowych świata. W 1999 roku otrzymał nagrodę im. Grzegorza Białkowskiego za najlepszą pracę doktorską z dziedziny chemii obronioną w latach 1996-1999 przyznaną przez Towarzystwo Popierania i Krzewienia Nauk. Habilitant był też w zespole, który za wybitną publikację otrzymał wyróżnienie im. Jakuba Parnasa, przyznane przez Polskie Towarzystwo Biochemiczne w roku 2008. W roku 2015 otrzymał stypendium naukowe Rektora UAM za osiągnięcia naukowe.

Należy zauważyć, że na początku swojej drogi naukowej Habilitant otrzymał grant z KBN i British Council na trzyletnią współpracę naukową z renomowanym laboratorium *York Structural Biology Laboratory* (YSBL) w Wielkiej Brytanii (1995-1997) na badania związane z przygotowywaną pracą doktorską.

Ocena osiągnięcia naukowego

Podstawą ocenianego osiągnięcia naukowego Pana dra Krzywdy jest spójna tematycznie seria 8 współautorskich publikacji w czasopismach z listy JCR. Prace zostały opublikowane w bardzo dobrych czasopismach, w tym *Nature Structural & Molecular Biology*, *Structure*, *Journal of Molecular Biology* i *Acta Crystallographica D*, IF od 1.8 do 13.7 (suma 43.8). Suma cytowań prac **H1-H8** wynosi 404, co stanowi prawie połowę cytowań całego dorobku. Uważna lektura zawartych w dokumentacji prac wykazała wysoki poziom merytoryczny i kompetencje Habilitanta. Dr Krzywda przedstawił swój udział w każdej z tych prac. W pracach **H3**, **H4** i **H7** dr Krzywda jest pierwszym autorem, w pracy **H8** jest autorem korespondującym. Dokumentacja zawiera oświadczenia współautorów o ich roli w każdej z prac, które są spójne z deklarowanym wkładem Habilitanta. Określony przez kandydata udział w pracach **H1-H4** i **H7-H8** wynosi od 30 do 50%, ale 5% dla **H5** i 10% dla **H6**.

Przedstawiony zbiór prac dotyczy badań peptydaz i białkowych inhibitorów peptydaz (wariantu 11,13Ala15Arg52Leu BPTI **H1-H2**, domeny AAA zależnej od ATP peptydazy FtsH z *E.coli* **H3-H4**, peptydazy retrowirusowej M-PMV **H5-H6**, kompleksu niehydrolizowalnego inhibitora peptydaz serynowych (NLys)5SFTI-1 z trypsyną **H7**, oraz inhibitora peptydazy serynowej *GmSPI-2*). Peptydazy pełnią istotną rolę w wielu procesach fizjologicznych, a ich inhibicja może mieć kluczowe znaczenie w terapii wielu chorób, np. AIDS.

Prace **H1-H2** dotyczą badań strukturalnych mutantów inhibitora trypsyny z trzustki wołu – małego białka zbudowanego z 58 reszt aminokwasowych. Dzięki trzem mostkom disiarczkowym struktura jest bardzo stabilna. W czasie publikacji struktur, w bazie PDB zdeponowano tylko jedną wysokorozdzielczą strukturę BPTI określoną do 1.09 Å. Dr Krzywda opracował metody krystalizacji wariantu BPTI uzyskując kryształy dobrej jakości. Pierwsza praca dotyczy określenia struktury inhibitora do rozdzielczości 1.4 Å, zaś druga opisuje strukturę określoną do 0.86 Å. Badany wariant pomimo czterech podstawień w sekwencji, w tym trzech w pętli wiążącej, nadal wykazuje około 3% aktywności wtBPTI. Obie struktury są bardzo podobne, i wykazują konformację pętli wiążącej z wprowadzonymi mutacjami prawie identyczną z konformacją wariantu dzikiego. W badanych strukturach Habilitant zlokalizował reszty C-terminalne, często niewidoczne w innych strukturach

BPTI. Bliskie położenia N-i C-końcowych fragmentów polipeptydu skutkuje stabilizacją struktury przez tworzenie mostka solnego. Wysoka rozdzielczość danych dyfrakcyjnych i precyzja określenia struktur pozwoliła uzyskać kilka interesujących wyników. Struktury ujawniły dwa enancjomery mostka disiarczkowego, co jest rzadko obserwowane w strukturach białkowych o przeciętnej rozdzielczości. W upakowaniu Habilitant wykrył tworzenie antyrównoległego arkusza β przez cząsteczki BPTI związane symetrią osi dwukrotnej. Dane o rozdzielczości 0.86 Å umożliwiły udokładnianie BPTI z pominięciem więzów geometrycznych, podobnie do struktur związków małowymiarowych. Wśród wniosków metodycznych wyciągniętych przez Habilitanta, sugestia o zbyt rygorystycznych więzach konformacyjnych dla wiązania peptydowego w programach do udokładniania białek wydaje się ważna, ale stosowalna przede wszystkim do struktur o bardzo wysokiej rozdzielczości. Interesujące jest też stwierdzenie odchylenia położenia atomów wodoru od obliczonych z idealnej geometrii dla odpowiednich grup X-H. Lokalizacja atomów wodoru grup C α H wykazała ich udział w wiązaniach C-H...O, w tym w tworzeniu arkuszy β . Rola oddziaływań C-H...O w strukturach białek była już wcześniej postulowana w literaturze. Swoje udziały w pracach **H1-H2** Kandydat określił na odpowiednio 35 i 30%.

Publikacje **H3** i **H4** poświęcone są badaniom domeny AAA zależnej od ATP peptydazy FtsH z E.coli. Zgodnie z literaturą, badana peptydaza jest jedyną związaną z błoną komórkową peptydazą zależną od ATP. Rolą FtsH jest zapewnienie właściwej jakości błony komórkowej przez degradację białek membranowych nieprawidłowo połączonych w kompleksy, oraz utrzymanie równowagi w procesie syntezy fosfolipidów i lipopolisacharydów. Domena AAA zawiera motywy Walker A i B odpowiadające aktywności ATPazowej oraz SRH. Badana peptydaza zawiera też fragment wiążący jony Zn, znany z metalopeptydaz zależnych od Zn²⁺. Habilitant podjął próby krystalizacji całego białka FtsH, aby poznać jego wielodomenową architekturę. Wobec braku kryształów zdecydował się na krystalizację samej domeny AAA (reszty 126-398). W procesie otrzymywania białka Habilitant stwierdził dodatkowe odcięcie reszt 126-143, jako wynik niespecyficznego działania trombiny. W konsekwencji badaniom poddał fragment 144-398 domeny AAA. W pracy **H3** opisano opracowaną metodę ekspresji i oczyszczania FtsH, krystalizację oraz pomiar danych dyfrakcyjnych do rozdzielczości 1.5 Å. Podjęte próby rozwiązania struktury metodą podstawienia cząsteczkowego z użyciem kilku znanych wtedy struktur domen AAA nie dały rezultatu. Jednocześnie symetria sieci wykluczała występowanie badanej domeny w postaci sugerowanych w literaturze heksametrów. Praca **H4** jest kontynuacją procesu określania struktury tej peptydazy. Dr Krzywda zastosował metodę pojedynczego podstawienia izomorficznego z anomalną dyspersją SIRAS wykorzystując chlorek metylortęci. Białko ma strukturę dwudomenową – otwarty arkusz β (domena α/β) i pięć 4 helis. W kieszeni wiążącej nukleotydy Habilitant stwierdził obecność jonu siarczanowego oddziałującego z Lys201 z pętli P, resztą o kluczowym znaczeniu dla aktywności FtsH. Jedną z cech wyróżniających badaną domenę FtsH od innych domen AAA jest powiększenie typowego równoległego arkusza β z 5 wstęg przez antyrównoległe upakowanie szóstej wstęgi β . Analiza upakowania badanej domeny AAA zawierającej reszty 144-398 ujawniła tworzenie nie obserwowanego wcześniej dimeru, podczas gdy inne znane struktury zawierały heksamery, heteropentamery lub monomery. Dr Krzywda wiąże powstanie wyjątkowego dimeru z antyrównoległym upakowaniem końcowych reszt 145-149, możliwym po obcięciu reszt 126-143. Ze względu na bliski kontakt z γ -PO₄ liganda ATP, resztom Asn301 i Arg315 przypisano funkcję sensora grupy fosforanowej. Modelowanie oparte na strukturze domeny Nsf-D2 pozwoliło na zbudowanie funkcjonalnego heksameru FtsH. Potwierdzeniem jakości modelu jest kwasowy charakter centralnego otworu heksameru, co pozostaje w dobrej zgodności z mechanizmem proteolizy substratów od ich N-końca. Habilitant określił swoje udziały w publikacjach **H3-H4** odpowiednio na 50 i 45%.

Prace **H5** i **H6** dotyczą retrowirusowej peptydazy z M-PMV. Z osobistego doświadczenia współpracy z prof. Mariuszem Jaskólskim sprzed wielu lat pamiętam swoje nieudane próby rozwiązania tej struktury metodą podstawienia cząsteczkowego. Habilitant nawiązuje do

bezwolnych prób określenia tej struktury metodą MR z wykorzystaniem innych proteaz retrowirusowych. Interesującym pomysłem była podjęta współpraca z grupą FOLDIT angażującą graczy komputerowych, która pozwoliła w CASP9 wygenerować model wystarczająco zbliżony do rzeczywistej struktury, aby z sukcesem określić strukturę peptydazy M-PMV metodą podstawienia cząsteczkowego. Wyjątkowość pracy jest podkreślona stwierdzeniem Habilitanta, że jest to pierwszy przypadek wykorzystania wielu graczy komputerowych do rozwiązania problemu naukowego z zakresu biologii strukturalnej. Zaangażowanie grup FOLDIT do budowy modelu białka tłumaczy wkład Habilitanta oszacowany na 5%. W pracy **H6** swój udział Habilitant ocenił na 10%. Jego wkład w obie prace to udział w krystalizacji, udokładnienie struktury i udział w przygotowaniu publikacji. Struktura PR M-PMV została określona do rozdzielczości 1.6 Å. Struktura zawiera dwie monomeryczne cząsteczki PR w części asymetrycznej. Określona struktura ujawniła konformację kłap odmienną od znanej z dimerycznych PR, wynikającą z obecności krótkiej helisy 3_{10} , a odchylenie czubka kłapy od typowego położenia sięga 2.7 Å. W porównaniu do retrowirusowych peptydaz występujących w formie dimeru, w jednej cząsteczce kłapa występuje w konformacji otwartej, w drugiej w konformacji zamkniętej. Habilitant stwierdził istotne różnice sfałdowania w porównaniu z innymi peptydazami, z rmsd dla atomów $C\alpha$ 2-3.5 Å, co tłumaczy nieudane próby rozwiązania struktury metodą MR z użyciem typowych dimerycznych peptydaz retrowirusowych, zarówno Habilitanta jak i moje. Występowanie PR M-PMV w formie monomeru Habilitant powiązał z obecnością dodatnio naładowanych reszt aminokwasowych na powierzchni odpowiadającej powierzchni styku podjednostek w homodimerach innych PR, gdzie występują zarówno reszty dodatnio jak i ujemnie naładowane.

Praca **H7** dotyczy klasycznej peptydazy, jaką jest trypsyna, jednak użytej jako szablon do projektowania inhibitorów peptydaz serynowych. Habilitant badał strukturę kompleksu wołowej tryptyny z syntetycznym peptydo-peptoidowym analogiem inhibitora tryptyny z pestek słonecznika SFTI-1. Badany niehydrolizowany analog zawierał w pozycji P1 N-(4-aminobutylo)glicynę. Otrzymanie kompleksu tryptyny z inhibitorem przez współkrystalizację okazało się trudne z powodu powinowactwa reszty Arg produktu autolizy tryptyny do kieszeni P1 wyższego niż reszty Lys inhibitora. Habilitant użył z dobrym skutkiem metody nasączenia kryształów tryptyny inhibitorem. Uzyskane kryształy pozwoliły na zebranie danych dyfrakcyjnych do rozdzielczości 1.29 Å. Struktura badanego kompleksu jest bardzo podobna do struktury kompleksu tryptyna – SFTI-1. Syntetyczny inhibitor wiąże się w ten sam sposób co SFTI-1, a na podstawie map gęstości elektronowej Dr Krzywda wykluczył hydrolizę jego wiązania P1-P1'. Struktura ujawnia, jak reszta peptoidowa NLys wiąże się wodorowo z resztą Ser214 tryptyny, w konsekwencji uniemożliwiając oddziaływanie Ser214 z atomami łańcucha głównego reszty P1, ale także postulowane przez innych badaczy kontrolowanie konformacji i struktury rezonansowej His57 przez tworzenie wiązania wodorowego $C_{\epsilon 1}-H...O=C(Ser214)$. Takie potencjalne oddziaływanie są istotne dla wiązania substratów i ich hydrolizy. Uzyskane wyniki są spójne z doniesieniami literaturowymi, że zablokowanie Ser214 uniemożliwia hydrolizę substratów czy inhibitorów. Badania Habilitanta dają dowód na bezpośredni udział grupy karbonylowej Ser214 w cięciu substratów i dostarczają molekularnych podstaw do projektowania nowych inhibitorów. Habilitant ocenił swój wkład w pracy **H7** na 45%.

Praca **H8** zawiera opis badań i struktury białka ekspresowanego w komórkach drożdży, po chemicznym odcięciu znacznika histydynowego. Taki znacznik jest dodawany do białek ekspresowanych w obcych komórkach w celu skutecznego i szybkiego oczyszczenia właściwego produktu. Obecność znacznika może wpływać zarówno na właściwości białek jak i na proces ich krystalizacji. Dlatego w badaniach z zakresu proteomiki strukturalnej ważne może okazać się skuteczne odcięcie znacznika, najlepiej metodami nieenzymatycznymi, bez ryzyka niespecyficznego trawienia białka, a taki przypadek został opisany w pracach **H3-H4**. Dr Krzywda badał inhibitor peptydazy nici jedwabiu z mola woskowego GmSPI-2, małe białko zbudowane z 36 reszt aminokwasowych. Habilitant użył metody specyficznego rozerwania wiązania wspomaganego jonami

Ni²⁺, wprowadzając do genu fragment kodujący sekwencję SRHWAP rozpoznawaną przez jony Ni²⁺ poprzedzającą znacznik His₆. Kryształy oczyszczonego białka dawały dyfrakcję do 0.95 Å. Struktura została rozwiązana metodą MR, i udokładniana z użyciem białkowego pakietu CCP4. Struktura okazała się bardzo uporządkowana, o niskiej zawartości wody, oraz niskich wartościach ADP, co umożliwiło końcowe udokładnienie pełnomacierzową metodą najmniejszych kwadratów pakietem SHELX97 w procedurze analogicznej do udokładniania związków małowymiarowych. Porównanie wykazało, że badany inhibitor ma konformację zbliżoną do LTDI - inhibitora z nieklasycznej rodziny Kazala grupy 2. Struktura zawiera antyrównoległy arkusz β i centralną helisę α, jest stabilizowana przez dwa mostki disiarczkowe. Pętla wiążąca jest eksponowana i zawiera Thr7 w pozycji P1. W typowych strukturach inhibitorów z rodziny Kazala pętla jest stabilizowana przez 8 wiązań wodorowych, podczas gdy w badanej strukturze Habilitant stwierdził występowanie dodatkowego wiązania między Thr6 i Trp25. Analiza map gęstości elektronowej obszaru C-końcowego dostarczyła dowodu na specyficzne odcięcie znacznika w zaprojektowanym miejscu poprzedzającym sekwencję S/TXHZ (pomiędzy Leu40 i Ser41 białka fuzyjnego) z zastosowaniem jonów Ni²⁺. Ten dowód, jak i określenie nieznannej struktury inhibitora uważam za najbardziej znaczące w **H8**. Habilitant ocenił swój wkład w **H8** na 45%.

Osiągnięcia organizacyjne, dydaktyczne i popularyzatorskie

Pan dr Szymon Krzywda był zaangażowany w finansowane zewnętrznie projekty badawcze (KBN wspólnie z British Council, KBN, MNISW, NCN) praktycznie w całym okresie 1995-2015. W latach 2005-2008 był kierownikiem grantu KBN. Był też wykonawcą w 4 grantach oraz głównym wykonawcą w jednym projekcie MNISW. Wszystkie granty dotyczyły badań strukturalnych białek, a najnowszy grant NCN Harmonia-5 można zaklasyfikować jako grant związany z metodyką badań krystalograficznych biomakrocząstek. Aktywność na tym polu dowodzi kompetencji Habilitanta włączanego do zespołów badawczych jako wykonawcy, ale także jego zaangażowania w zdobywanie środków zewnętrznych.

Działalność organizacyjna Kandydata ogranicza się do współorganizacji z prof. Krzysztofem Lewińskim z UJ konferencji Protein Crystallography Beyond 2000, w Krynicy w 2001 roku. Habilitant był też członkiem Komitetu Biochemii i Biofizyki PAN, 1999 – 2002. Obecnie jest przedstawicielem adiunktów w Radzie Wydziału Chemii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, 2016-2020. Ten poziom zaangażowania w sprawy macierzystej uczelni i środowiska krystalograficznego jest typowy dla naukowców osiągniętych porównywalny etap kariery zawodowej.

Dr Krzywda ma znaczące doświadczenie w działalności dydaktycznej. Prowadził w języku polskim i angielskim wykłady kursowe dotyczące krystalografii białek, w tym wykłady wysoko ocenione przez studentów międzynarodowego programu SERP-Chem (2015-16). Dr Krzywda opracował program ćwiczeń z zakresu biokrystalografii i biologii strukturalnej dla studentów kilku wydziałów macierzystego UAM. W 2001 roku prowadził ćwiczenia ze studentami w ramach The 5th Workshop in Molecular Biology and Disease, na Wietnamskim Uniwersytecie Narodowym w Hanoi, Wietnam, organizowanej przez prof. Simona Cuttinga, Royal Holloway, University of London, UK

Jako działalność dydaktyczno-popularyzatorską można traktować przeprowadzenie jednej lekcji przyrody z pokazami eksperymentów krystalizacyjnych dla uczniów klasy 4 (2015-16) i współprowadzenie doświadczeń laboratoryjnych dla uczniów klasy 6 Szkoły Podstawowej Zakonu Pijarów w Poznaniu (2017-18).

Dr Szymon Krzywda był opiekunem 2 magistrantów podczas stażu w Department of Chemistry, University of York, UK (2001-2003) i 2 magistrantów na UAM (2006-7). Wydaje się to niewielką aktywnością na tym polu, biorąc pod uwagę uzyskanie stopnia doktora w 1998 r.

Współpraca krajowa, współpraca międzynarodowa, staże

Dr Krzywda odbył długoterminowy staż naukowy w Department of Chemistry, University of York, UK. Swój warsztat badawczy rozwijał też podczas wyjazdów na eksperymenty dyfrakcyjne do ośrodków synchrotronowych ESRF Grenoble, Francja; BESSY Berlin i DESY Hamburg, Niemcy; Daresbury, UK oraz Max4 Lund, Szwecja.

Dr Krzywda współpracuje z grupami badawczymi w Polsce. Badania nad inhibitorami peptydaz zawierającymi grupy peptoidowe prowadził we współpracy z prof. Krzysztofem Rolką i dr Maciejem Stawikowskim z Katedry Chemii Bioorganicznej, Wydziału Chemii Uniwersytetu Gdańskiego. Badania zależności strukturalno-funkcjonalnych istotnych dla oddziaływań heterokompleksu EcR/Usp z naturalnymi elementami regulatorowymi prowadził z prof. Andrzejem Ożyharem i dr Michałem Jakóbcem z Zakładu Biochemii Politechniki Wrocławskiej. Badania we współpracy z grupą z Zakładu Biofizyki, Wydziału Biotechnologii Uniwersytetu Wrocławskiego dotyczyły zależności strukturalno-funkcjonalnych cytochromów c6 i RbcX. We współpracy z grupą z Zakładu Biosyntezy Białka, Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN w Warszawie Habilitant prowadził badania nad strukturą inhibitora z nici jedwabiu *Barciaka większego* SPI-2. Wielowątkowa współpraca na pewno jest pozytywnym znakiem rozwoju naukowego i jednocześnie dowodem rozpoznawalności kompetencji Habilitanta.

Podsumowanie.

W mojej opinii przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe jest dobre. Publikacje w bardzo dobrych czasopismach dowodzą wysokiego poziomu badań, których współautorem jest Dr Krzywda. W 6 z ośmiu publikacji stanowiących podstawę wniosku wkład Habilitanta jest dominujący i nie budzi zastrzeżeń. W pracach **H5-H6** wkład Habilitanta w publikacje jest oszacowany na 5-10%, jednak udział w pracach dużych grup graczy komputerowych z FOLDIT w pełni uzasadnia ten poziom. Liczba publikacji w ogólnym dorobku Habilitanta nie rzuca na kolana, lecz parametry naukometryczne wskazują, że są to prace wysokiej jakości. Przytoczona powyżej współpraca naukowa jest dowodem zarówno sprecyzowanych zainteresowań badawczych Kandydata jak i uznaniem jego kompetencji w zakresie biologii strukturalnej. Doświadczenie dydaktyczne zaangażowanie w działalność organizacyjną są na dobrym poziomie. Od przyszłego pracownika samodzielnego oczekiwałbym większego dorobku w zakresie kształcenia kadr, ale jak się domyślam, to jeszcze jest przed Kandydatem.

WNIOSEK KOŃCOWY.

Biorąc wszystko pod uwagę stwierdzam, że Pan dr Szymon Krzywda spełnia wymagania stawiane kandydatom do stopnia naukowego doktora habilitowanego określone w Ustawie z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach naukowych i tytule naukowym (Dz. U. z 2017 r., poz. 1789). Wnoszę do Rady Wydziału Chemii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu o nadanie dr. Szymonowi Krzywdzie stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk chemicznych w dyscyplinie chemia.

Andrzej Wodabek