

WYKAZ OSIĄGNIĘĆ

DR NATALIA SZÓSTAK

ZAŁĄCZNIK 4

ZAŁĄCZNIK 4. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH, STANOWIĄCYCH
ZNACZNY WKŁAD W ROZWÓJ OKREŚLONEJ DYSCYPLINY

**I. WYKAZ OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH, O KTÓRYCH MOWA W ART. 219
UST. 1. PKT 2 USTAWY**

**1. MONOGRAFIE NAUKOWE, ZGODNIE Z ART. 219 UST. 1. PKT 2A
USTAWY**

Nie dotyczy

**2. CYKL POWIĄZANYCH TEMATYCZNIE ARTYKUŁÓW NAUKOWYCH,
ZGODNIE Z ART. 219 UST. 1. PKT 2B USTAWY**

- H1. Szóstak N***, Szymanek A*, Havránek J, Tomela K, Rakoczy M, Samelak-Czajka A, Schmidt M, Figlerowicz M, Majta J, Milanowska-Zabel K, Handschuh L, Philips A.

The standardisation of the approach to metagenomic human gut analysis: from sample collection to microbiome profiling.

Scientific Reports 12 (1), 8470 (2022). doi: 10.1038/s41598-022-12037-3

IF₂₀₂₂ = 4,6; 5IF₂₀₂₂ = 4,9; MNiSW: 140

- H2. Szóstak N**, Handschuh L, Samelak-Czajka A, Tomela K, Schmidt M, Pruss Ł, Milanowska-Zabel K, Kozłowski P, Philips A.

Host factors associated with gut mycobiome structure.

mSystems 8 (2), e00986-22 (2023). doi: 10.1128/msystems.00986-22

IF₂₀₂₃ = 5; 5IF₂₀₂₃ = 6,1; MNiSW: 140

- H3. Szóstak N**, Handschuh L, Samelak-Czajka A, Tomela K, Pietrzak B, Schmidt M, Kaczmarek M, Galus Ł, Mackiewicz J, Mackiewicz A, Kozłowski P, Philips A.

Gut Mycobiota Dysbiosis Is Associated with Melanoma and Response to Anti-PD-1 Therapy.

Cancer Immunology Research 12 (4), 427-439 (2024). doi: 10.1158/2326-6066.CIR-23-0592

IF₂₀₂₃ = 8,1; 5IF₂₀₂₃ = 10,1; MNiSW: 200

- H4.** Szóstak N[#], Budnik M, Tomela K, Handschuh L, Samelak-Czajka A, Pietrzak B, Schmidt M, Kaczmarek M, Galus Ł, Mackiewicz J, Mackiewicz A, Kozłowski P, Philips A.

Exploring correlations between gut mycobiome and lymphocytes in melanoma patients undergoing anti-PD-1 therapy.

Cancer Immunology, Immunotherapy 74, 110 (2025). doi: 10.1007/s00262-024-03918-9

IF₂₀₂₃ = 4,6; 5IF₂₀₂₃ = 5,4; MNiSW: 140

- H5.** Szóstak N, Figlerowicz M, Philips A.

The emerging role of the gut mycobiome in liver diseases.

Gut Microbes 15 (1), 2211922 (2023). doi: 10.1080/19490976.2023.2211922

IF₂₀₂₃ = 12,2; 5IF₂₀₂₃ = 12,3; MNiSW: 100

*równy wkład

autor korespondencyjny

3. ZREALIZOWANE ORYGINALNE OSIĄGNIĘCIA PROJEKTOWE, KONSTRUKCYJNE, TECHNOLOGICZNE LUB ARTYSTYCZNE, ZGODNIE Z ART. 219 UST. 1. PKT 2C USTAWY

Nie dotyczy

4. INNE, NIŻ WYMIENIONE W PKT. I.1-3, OSIĄGNIĘCIA NAUKOWE

Przed uzyskaniem stopnia doktora:

- N1.** Pietal MJ*, Szóstak N*, Rother KM, Bujnicki JM.

RNAmap2D – calculation, visualization and analysis of contact and distance maps for RNA and protein-RNA complex structures.

BMC Bioinformatics 13 (1), 1-11 (2012), doi: 10.1186/1471-2105-13-333

IF₂₀₁₂ = 3,024; 5IF₂₀₁₂ = 3,510; MNiSW: 100

- N2.** Szóstak N, Royo F, Rybarczyk A, Szachniuk M, Blazewicz J, del Sol A, Falcon-Perez JM.

Sorting signal targeting mRNA into hepatic extracellular vesicles.

RNA Biol. 11 (7), 836–844 (2014), doi: 10.4161/rna.29305

IF₂₀₁₄ = 4,974; 5IF₂₀₁₄ = 5,237; MNiSW: 100

- N3.** Rybarczyk A, Szóstak N, Antczak M, Zok T, Popenda M, Adamiak R, Blazewicz J, Szachniuk M.

New in silico approach to assessing RNA secondary structures with non-canonical base pairs.

BMC Bioinformatics 16 (1), 1-12 (2015), doi: 10.1186/s12859-015-0718-6

IF₂₀₁₅ = 2,435; 5IF₂₀₁₅ = 3,435; MNiSW: 100

- N4.** Szóstak N, Wasik S, Blazewicz J.

Hypercycle.

PLOS Comput Biol. 12 (4):e1004853 (2016), doi: 10.1371/journal.pcbi.1004853

IF₂₀₁₆ = 4,542; 5IF₂₀₁₆ = 5,044; MNiSW: 140

- N5.** Szóstak N, Wasik S, Blazewicz J.

Understanding Life: A Bioinformatics Perspective.

Eur Rev. 25 (2), 231–245 (2017), doi: 10.1017/S1062798716000570

F₂₀₁₇ = 0,434; 5IF₂₀₁₇ = 0,307; MNiSW: 70

- N6.** Szóstak N, Synak J, Borowski M, Wasik S, Blazewicz J.

Simulating the origins of life: The dual role of RNA replicases as an obstacle to evolution.

PLOS ONE 12 (7), e0180827 (2017), doi: 10.1371/journal.pone.0180827

F₂₀₁₇ = 2,766; 5IF₂₀₁₇ = 3,352; MNiSW: 100

- N7.** Mietchen D, Wodak S, Wasik S, Szóstak N, Dessimoz C.

Submit a Topic Page to PLOS Computational Biology and Wikipedia.

PLOS Comput Biol. 14 (5), e1006137 (2018), doi: 10.1371/journal.pcbi.1006137

F₂₀₁₈ = 4,428; 5IF₂₀₁₈ = 5,042; MNiSW: 140

Po uzyskaniu stopnia doktora:

- N8.** Wasik S, Szóstak N, Kudla M, Wachowiak M, Krawiec K, Blazewicz J.

Detecting life signatures with RNA sequence similarity measures.

J Theor Biol. 463;110–120 (2019), doi: 10.1016/j.jtbi.2018.12.018

F₂₀₁₉ = 2,327; 5IF₂₀₁₉ = 2,122; MNiSW: 70

- N9.** Carrascoza Mayén JF, Rydzewski J, Szóstak N, Blazewicz J, Nowak W.

Prebiotic Soup Components Trapped in Montmorillonite Nanoclay Form New Molecules: Car-Parrinello Ab Initio Simulations. doi: 10.3390/life9020046

Life 9 (2), 46 (2019)

F₂₀₁₉ = 2,991; 5IF₂₀₂₂ = 3,2; MNiSW: 70

- N10.** Wasik S, Jaroszewski M, Nowaczyk M, Szóstak N, Prejzendanc T, Blazewicz J.

VirDB: Crowdsourced Database for Evaluation of Dynamical Viral Infection Models.

Curr Bioinforma. 14 (8), 740–748 (2019), doi: 10.2174/1574893614666190308155904

F₂₀₁₉ = 2,068; 5IF₂₀₁₉ = 1,198; MNiSW: 40

- N11.** Lehmann TP, Miskiewicz J, Szóstak N, Szachniuk M, Grodecka-Gozdecka S, Jagodziński P.

In Vitro and in Silico Analysis of miR-125a with rs12976445 Polymorphism in Breast Cancer Patients.

Appl Sci.10 (20), 7275 (2020), doi: 10.3390/app10207275

IF₂₀₂₀ = 2,679; 5IF₂₀₂₀ = 2,736; MNiSW: 100

- N12.** Nawrocka P, Galka-Marciniak P, Urbanek Trzeciak MO, Szóstak N, Philips A, Sand M, Kozłowski P.

Profile of Basal Cell Carcinoma Mutations and Copy Number Alterations - Focus on Gene-Associated Noncoding Variants.

Front. Oncol. 11, 4991 (2021), doi: 10.3389/fonc.2021.752579

IF₂₀₂₁ = 5,738; 5IF₂₀₂₁ = 6,122; MNiSW: 100

- N13.** Janecki D*, Raneet S*, **Szóstak N***, Kajdasz A, Kordyś M, Plawgo K, Pandakov D, Philips A, Warkocki Z.

LINE-1 mRNA 3' end dynamics shape its biology and retrotransposition potential.

NAR 52 (6), 3327-3345 (2024), doi: 10.1093/nar/gkad1251

IF₂₀₂₃ = 16,7; 5IF₂₀₂₃ = 16,1; MNiSW: 200

N14. Budnik M, Wawrzyniak J, Grala Ł, Kadziński M, **Szóstak N[#]**.

Deep dive into RNA: a systematic literature review on RNA structure prediction using machine learning methods.

Artificial Intelligence Review 57 (9), 254 (2024), doi: 10.1007/s10462-024-10910-3

IF₂₀₂₃ = 10,7; 5IF₂₀₂₃ = 11,7; MNiSW: 140

*równy wkład

autor korespondencyjny

II. WYKAZ AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ

1. WYKAZ CZŁONKOSTWA W REDAKCJACH NAUKOWYCH MONOGRAFII

Nie dotyczy

2. WYKAZ WYSTĄPIEŃ NA KRAJOWYCH LUB MIĘDZYNARODOWYCH KONFERENCJACH NAUKOWYCH, Z WYSZCZEGÓLNIENIEM PRZEDSTAWIONYCH WYKŁADÓW NA ZAPROSZENIE I WYKŁADÓW PLENARNYCH.

Po uzyskaniu stopnia doktora:

- Konferencja międzynarodowa FEMS MICRO 2025, Mediolan, Włochy, 14 – 17.07.2025, udział czynny – prezentacja ustna “Gut Mycobiota Dysbiosis is Associated with Melanoma and Response to Immunotherapy”
- Konferencja międzynarodowa Bioinformatics in Torun (BIT23), 29.06 – 01.07.2023, udział czynny – prezentacja plakatu “Associations between Host Factors and the Gut Mycobiota”
- PharmaPlanet, online, 03 – 04.11.2021, udział czynny – prezentacja ustna “AI4.BIO – innowacyjne podejście do przewidywania struktur RNA” w ramach TOP MEDTECH INNOVATIONS FROM POLAND
- InfoShare 2021, Gdańsk, 13 – 15.10.2021, Startup Contest, udział czynny – prezentacja ustna koncepcji AI4.BIO – platformy do przewidywania struktur RNA
- BigDataTech Warsaw, Warszawa, 27.02.2020, udział czynny – prezentacja ustna “Practical application of AI”
- DataMass Gdansk Summit, Gdańsk, 04.10.2019, udział czynny – prezentacja ustna “Predictive Maintenance, or AI in Industry”

- Konferencja Generali, Warszawa, 22.05.2019, udział czynny – prezentacja ustna “Big Data - wiedza w danych”
- SQLDay 2019, Wrocław, 13.05 – 15.05.2019, udział czynny – prezentacja ustna “Od Big Data do wiedzy zawartej w danych”
- Startup Poznan 2019, Poznań, 08.05.2019, udział czynny – prezentacja ustna “Od Big Data do wiedzy zawartej w danych - 2h live demo”
- AI Meet up 2019, Poznań, 25.04.2019, udział czynny – prezentacja ustna “AI dla przemysłu z wykorzystaniem platformy Azure”
- SQL Saturday 2019, Kraków, 08.02 – 09.02.2019, udział czynny – prezentacja ustna “Challenges in Big Data analysis”

Wybrane wystąpienia konferencyjne przed uzyskaniem stopnia doktora:

- Konferencja międzynarodowa ECCB 2016, The 15th European Conference on Computational Biology, Haga (Holandia), 03 – 07.09.2016, udział czynny – prezentacja plakatu “Modelling and simulations – an application to the RNA World Hypothesis”
- Konferencja międzynarodowa Kongres Bio 2016, Wrocław, 13.09.2016 – 16.09.2016, udział czynny – prezentacja plakatu “Modelling and simulations – an application to the RNA World Hypothesis”
- PTBI 2016, 9th Symposium of the Polish Bioinformatics Society, Białystok, 28 – 30.09.2016, udział czynny – prezentacja plakatu “Modelling and simulations – an application to the RNA World Hypothesis”
- Konferencja międzynarodowa EURO 2016, The 28th European Conference on Operational Research, Poznań, 03 – 06.09.2016, udział czynny – prezentacja ustna “Modelling and simulations – an application to the RNA World Hypothesis”
- Konferencja międzynarodowa ICOLE 2015 – German - Polish Workshop on Computational Biology, Perspectives of Bioinformatics, Operations Research and Machine Learning, Lessach (Austria), 27.09 – 03.10.2015, udział czynny – prezentacja ustna “New *in silico* approach to assess RNA secondary structures with non-canonical base pairs”
- VIII Sympozjum Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego 2015, Lublin, 17 – 19.09.2015, udział czynny – prezentacja ustna “New *in silico* approach to assess RNA secondary structures with non-canonical base pairs”
- Konferencja międzynarodowa EURO 2015, The 27th European Conference on Operational Research, Glasgow (Wielka Brytania), 12 – 15.07.2015, udział czynny – prezentacja ustna “New *in silico* approach to assess RNA secondary structures with non-canonical base pairs”
- Konferencja międzynarodowa ECCO 2015, The 28th Annual Conference of the European Chapter of Combinatorial Optimization, Katania (Włochy), 28 – 30.05.2015, udział czynny – prezentacja ustna “New *in silico* approach to assess RNA secondary structures with non-canonical base pairs”
- Konferencja międzynarodowa RECOMB 2015 - the 19th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology, Warszawa, 12 – 15.04.2015, udział czynny – prezentacja plakatu “Sorting signals targeting mRNA into hepatic extracellular vesicles”

- Konferencja międzynarodowa ICOLE 2014 German - Polish Workshop on Computational Biology, Perspectives of Bioinformatics, Operations Research and Machine Learning, Lessach (Austria), 15 – 20.09.2014, udział czynny – prezentacja ustna “Cellular logistics – how to find zipcodes?”
- Konferencja międzynarodowa Kongres BIO 2014, Warszawa, 9 – 12.09.2014, udział czynny – prezentacja ustna “Sorting signals targeting mRNA into hepatic extracellular vesicles”
- Konferencja międzynarodowa IV EURO WG Conference on Operational Research in Computational Biology, Bioinformatics and Medicine, Poznań – Biedrusko, 26 – 28.06.2014 – prezentacja ustna “Sorting signals targeting mRNA into hepatic extracellular vesicles”
- Konferencja międzynarodowa Bioinformatics in Torun 2014, Toruń, 12 – 14.06.2014, udział czynny – prezentacja plakatu “Sorting signals targeting mRNA into hepatic extracellular vesicles”

3. WYKAZ UDZIAŁU W KOMITETACH ORGANIZACYJNYCH I NAUKOWYCH KONFERENCJI KRAJOWYCH LUB MIĘDZYNARODOWYCH, Z PODANIEM PEŁNIONEJ FUNKCJI

Nie dotyczy

4. WYKAZ UCZESTNICTWA W PRACACH ZESPOŁÓW BADAWCZYCH REALIZUJĄCYCH PROJEKTY FINANSOWANE W DRODZE KONKURSÓW KRAJOWYCH LUB ZAGRANICZNYCH, Z PODZIAŁEM NA PROJEKTY ZREALIZOWANE I BĘDĄCE W TOKU REALIZACJI, ORAZ Z UWZGLĘDNIENIEM INFORMACJI O PEŁNIONEJ FUNKCJI W RAMACH PRAC ZESPOŁÓW

Zrealizowane po uzyskaniu stopnia doktora:

- Wykonawca grantu NCBR POIR.04.01.02-00-0025/17 – Program Operacyjny Inteligentny Rozwój Działanie 4.1 Badania naukowe i prace rozwojowe Poddziałanie 4.1.2 Regionalne agendy naukowo-badawcze
“*Mapa Mikrobiomu Polski*”
01.02.2020 – obecnie (podtrzymanie trwałości projektu)
- Wykonawca grantu POIR.04.02.00-00-D017/20 współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój 2014-2020
“*ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki – MOSAIC*”
01.06.2021 – 30.11.2023
- Wykonawca grantu RPWP.02.01.01-30-0001/20-00 Priorytet II: Społeczeństwo informacyjne Działanie 2.1.: Rozwój elektronicznych usług publicznych

“Regional COVID-Hub”

01.08.2020 – 31.12.2020

- Wykonawca grantu POIR.04.02.00-30-A004/16 współfinansowanego przez Unię Europejską ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (działanie 4.2. Rozwój nowoczesnej infrastruktury badawczej sektora nauki)

“Genomiczna Mapa Polski” w ramach “ECBiG – Europejskie Centrum Bioinformatyki i Genomiki”

01.08.2018 – 31.12.2018

Zrealizowane przed uzyskaniem stopnia doktora:

- Wykonawca grantu OPUS, NCN 2016/23/B/ST6/03931
“RNApolis – metody i algorytmy do modelowania i analizy struktury RNA”, 2016 – 2017
- Wykonawca grantu OPUS, NCN 2012/05/B/ST6/03026
“Informatyczne modele i metody w biologii komórkowej”, 2012 – 2015

5. WYKAZ CZŁONKOSTWA W MIĘDZYNARODOWYCH LUB KRAJOWYCH ORGANIZACJACH I TOWARZYSTWACH NAUKOWYCH WRAZ Z INFORMACJĄ O PEŁNIONYCH FUNKCJACH

- Członkini Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, od 2010

6. WYKAZ STAŻY W INSTYTUCJACH NAUKOWYCH, W TYM ZAGRANICZNYCH, Z PODANIEM MIEJSCA, TERMINU, CZASU TRWANIA STAŻU I JEGO CHARAKTERU

11/2016-02/2017	Uniwersytet Luksemburski, Luksemburg, pobyt naukowy w ramach stypendium Etiuda, opiekun naukowy prof. Pascal Bouvry
09/2007-02/2008	Uniwersytet Mediolański, Mediolan, Włochy, staż w Laboratorium Bioinformatyki, Ewolucjonizmu i Genomiki Porównawczej w ramach stypendium Erasmus, prof. Giulio Pavesi

7. WYKAZ CZŁONKOSTWA W KOMITETACH REDAKCYJNYCH I RADACH NAUKOWYCH CZASOPISM WRAZ Z INFORMACJĄ O PEŁNIONYCH FUNKCJACH*Nie dotyczy*

8. WYKAZ RECENZOWANYCH PRAC NAUKOWYCH, W SZCZEGÓLNOŚCI PUBLIKOWANYCH W CZASOPISMACH MIĘDZYNARODOWYCH

Byłam recenzentem czterech prac w czasopismach o zasięgu międzynarodowym:

- *Biotechnologia* (2024) – dwie prace
- *Frontiers in Microbiology* (2024)
- *Frontiers in Immunology* (2025)

9. WYKAZ UCZESTNICTWA W PROGRAMACH EUROPEJSKICH LUB INNYCH PROGRAMACH MIĘDZYNARODOWYCH

Nie dotyczy

10. WYKAZ UDZIAŁU W ZESPOŁACH BADAWCZYCH, REALIZUJĄCYCH PROJEKTY INNE NIŻ OKREŚLONE W PKT. II.4.

Nie dotyczy

11. WYKAZ UCZESTNICTWA W ZESPOŁACH OCENIAJĄCYCH WNIOSKI O FINANSOWANIE BADAŃ, WNIOSKI O PRYZNANIE NAGRÓD NAUKOWYCH, WNIOSKI W INNYCH KONKURSACH MAJĄCYCH CHARAKTER NAUKOWY LUB DYDAKTYCZNY

- Recenzja wniosku grantowego dla Uniwersytetu Warszawskiego w konkursie “Nowe Idee POB III. Wyzwania petabajtów”, 2021.

III. WSPÓŁPRACA Z OTOCZENIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

1. WYKAZ DOROBKU TECHNOLOGICZNEGO

Nie dotyczy

2. WSPÓŁPRACA Z SEKTOREM GOSPODARCZYM

- W latach 2022-2023 pełniłam rolę kierownika B+R w dwóch projektach badawczo-rozwojowych realizowanych we współpracy z zewnętrznym podmiotem gospodarczym, dotyczących wykorzystania sztucznej inteligencji w diagnostyce schorzeń oczu: “Piękne Oczy” (TAM/1/2022) oraz “Demox” (Nr10/2021/M), współfinansowanych ze środków Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego w ramach Programu Operacyjnego Inteligentny Rozwój (Działanie 1.3: Prace B+R finansowane z udziałem funduszy kapitałowych, Poddziałanie 1.3.1: Wsparcie Projektów badawczo-rozwojowych w fazie preseed przez fundusze typu proof of concept – BRIDGE Alfa).

- “Piękne Oczy” (TAM/1/2022) - Celem projektu było przeprowadzenie prac badawczo-rozwojowych prowadzących do stworzenia aplikacji mobilnej, która dzięki unikalnemu połączeniu algorytmów do przetwarzania obrazów i uczenia maszynowego pozwala rozpoznawać stopień powikłań w obrębie przedniej części gałki ocznej, związanych z noszeniem soczewek kontaktowych. Bazowa ocena stopnia powikłań oparta jest o jedną z częściej używanych w praktyce klinicznej skalę oceny, skalę Efrona. W wyniku projektu powstały: 1. Pełny ontologiczny opis 16 schorzeń w obrębie przedniej części gałki ocznej oraz ich poziomów zaawansowania w odniesieniu do skali stopniującej Efrona. 2. Graf wiedzy opisujący 16 schorzeń gałki ocznej zgodnie ze skalą stopniującą Efrona. 3. Baza zawierająca ponad 146 000 referencyjnych zdjęć obrazujących 16 analizowanych schorzeń gałki ocznej wraz z podziałem wg stopnia nasilenia danego schorzenia. 4. Model rozpoznawania schorzeń przedniej części gałki ocznej wg skali stopniującej Efrona wraz z ich stopniem zaawansowania, który na zbiorze walidacyjnym uzyskał wynik ponad 80% dokładności dla wszystkich analizowanych rodzajów schorzeń. 5. Prototyp aplikacji mobilnej wykorzystujący opracowany w ramach prac model uczenia maszynowego.
- “Demox” (Nr10/2021/M) - Celem projektu było opracowanie technologii bezinwazyjnej diagnostyki pasożyta oka nużeńca przy użyciu metod uczenia maszynowego i analizy obrazów. W wyniku projektu powstała: 1. Baza zawierająca ponad 33 300 referencyjnych zdjęć obrazujących oczy pacjentów wykazujących objawy nużycy ocznej oraz zdrowych oczu. 2. Model rozpoznawania obrazu oka z objawami bytowania nużeńca, osiągający na zbiorze uczącym dokładność predykcji wynoszącą 99,61%, a na zbiorze testowym 97,14%. 3. Prototyp aplikacji mobilnej wykorzystujący opracowany w ramach prac model uczenia maszynowego.

Opracowane algorytmy umożliwiają identyfikację chorób na podstawie analizy obrazów, wspierając proces diagnozy. Badania te przyczyniają się do postępu w zastosowaniu zaawansowanych technologii, takich jak sztuczna inteligencja, w obszarze medycyny, poprawiając skuteczność diagnozy i wspierając opiekę zdrowotną.

- W latach 2020-2021 byłam zaangażowana jako wykonawca w realizację grantu NCBR (POIR.04.01.02-00-0025/17 - Program Operacyjny Inteligentny Rozwój Działanie 4.1 Badania naukowe i prace rozwojowe Poddziałanie 4.1.2 Regionalne agendy naukowo-badawcze “Mapa Mikrobiomu Polski”) prowadziłam badania naukowe i prace rozwojowe z ramienia ICHB PAN w konsorcjum z partnerem biznesowym – spółką Ardigen SA. Realizacja tego projektu doprowadziła do powstania wspólnych publikacji naukowych (**H1**, **H2**) i produktu w postaci bazy danych referencyjnych mikrobiomów, który Ardigen SA wdraża w swoją działalność.

3. WYKAZ UZYSKANYCH PRAW WŁASNOŚCI PRZEMYSŁOWEJ, W TYM UZYSKANYCH PATENTÓW KRAJOWYCH LUB MIĘDZYNARODOWYCH

- Współudział w stworzeniu wynalazku w postaci bazy danych referencyjnych mikrobiomów pt. "Mapa Mikrobiomu Polski (MMP)", 2023.

4. WYKAZ WDROŻONYCH TECHNOLOGII

Nie dotyczy

5. WYKAZ WYKONANYCH EKSPERTYZ LUB INNYCH OPRACOWAŃ WYKONANYCH NA ZAMÓWIENIE INSTYTUCJI PUBLICZNYCH LUB PRZEDSIĘBIORCÓW

Nie dotyczy

6. WYKAZ UDZIAŁU W ZESPOŁACH EKSPERTCKICH LUB KONKURSOWYCH

Nie dotyczy

7. WYKAZ PROJEKTÓW ARTYSTYCZNYCH REALIZOWANYCH ZE ŚRODOWISKAMI POZAARTYSTYCZNYMI

Nie dotyczy

IV. DANE NAUKOMETRYCZNE

1. IMPACT FACTOR

Sumaryczny Impact Factor (IF) czasopism, w których publikowałam: **IF = 96,13**

Sumaryczny pięcioletni Impact Factor (5IF) czasopism, w których publikowałam: **5IF = 104,4**

2. LICZBA CYTOWAŃ PUBLIKACJI WNIOSKODAWCY, Z ODDZIELNYM UWZGLĘDNIENIEM AUTOCYTOWAŃ

Sumaryczna liczba cytowań wg bazy Web of Science Core Collection (bez autocytowań) z dn. 04.06.2025: **212**

Sumaryczna liczba cytowań wg bazy Web of Science Core Collection (z autocytowaniami) z dn. 04.06.2025: **230**

3. INDEKS HIRSCHA

Index Hirscha wg bazy Web of Science Core Collection z dn. 04.06.2025: 9

 **PODPIS ZAUFANY**
**NATALIA MARIA
SZÓSTAK**
05.06.2025 09:25:14 [GMT+2]
Dokument podpisany elektronicznie
podpisem zaufanym

(podpis elektroniczny)