

**Wykaz osiągnięć naukowych albo artystycznych,  
stanowiących znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny**

Zastrzeżenie: Oryginalny dokument został dostarczony przez autora w języku angielskim. Niniejszy dokument jest tłumaczeniem na język polski sporządzonym przez tłumacza doświadczonego w tej dziedzinie.

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

1. Monografia naukowa, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2a ustawy; lub
2. Cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy; lub
3. Wykaz zrealizowanych oryginalnych osiągnięć projektowych, konstrukcyjnych, technologicznych lub artystycznych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2c ustawy.

Przegląd 6 publikacji składających się na główne osiągnięcia naukowe przedstawiono w **tabeli 1**. Dalsze dane bibliograficzne dotyczące każdej publikacji oraz opis mojego wkładu przedstawiono poniżej. Oznaczenia przy nazwach w opisie publikacji oznaczają: \*Równy wkład merytoryczny, ☒ autorzy korespondencyjni, § członkowie Ylla-lab.

**Tabela 1:** Przegląd 6 wybranych publikacji, w tym: tytuł, czasopismo, podejście badawcze, rok wydania, rodzaj znaczącego wkładu (1 = pierwszy autor, Cor. = autor korespondencyjny), *impact factor* (w 2020 r.), punkty ministerialne i liczba cytowań.

Nr	Tytuł	Czasopismo	Podejście badawcze	Rok	Rola	IF (2022)	Punkty ministerialne (12/2021)	Cytowania (04/2023)
#1	Insights into the genomic evolution of insects from cricket genomes	Communications Biology	Genomika	2021	1+Cor.	6,55	20	41
#2	Reduction of embryonic E93 expression as a key factor for the evolution of insect metamorphosis	PNAS	mRNA	2023	Cor	12,78	200	1
#3	Diversity of piRNA expression patterns during the ontogeny of the German cockroach	Journal of Experimental Zoology, Part B	piRNA	2018	1	2,37	70	8
#4	siRNA enrichment in Argonaute 2-depleted <i>Blattella germanica</i>	Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms	siRNA	2021	Cor	6,3	100	4
#5	Distinct gene expression dynamics in germ line and somatic tissue during ovariole morphogenesis in <i>Drosophila melanogaster</i> .	G3: Genomes, Genes, Genetics	mRNA	2021	1	3,54	70	1
#6	MirCure: A tool for quality control, filter, and curation of microRNAs of animals and plants.	Bioinformatics	miRNA+ Tworzenie oprogramowania.	2020	1	6,93	200	3
<b>Suma:</b>						38.5	660	58

## Publikacja #1

G. Ylla✉, T. Nakamura, T. Itoh, R. Kajitani, A. Toyoda, S. Tomonari, T. Bando, Y. Ishimaru, T. Watanabe, M. Fuketa, Y. Matsuoka, A. Bennett, S. Noji, T. Mito✉, & C. G. Extavour✉ (2021). [Insights into the genomic evolution of insects from cricket genomes](#). *Nature Communications Biology*.

Jak opisano w sekcji dotyczącej wkładu autora artykułu, zaprojektowałem doświadczenia i ich analizę, uzyskałem wyniki, napisałem pierwszą wersję artykułu i wykonałem wszystkie ilustracje. Oznacza to, że opracowałem narzędzie do adnotacji genomu, którego użyłem do wykonania adnotacji *de novo* dwóch genomów. Obejmowało to identyfikację powtarzających się elementów, mapowanie wszystkich dostępnych danych sekwencji RNA do genomu, wykonywanie modeli genów *ab initio* i generowanie modeli genów opartych na dowodach. Oprócz adnotacji genomu przeprowadziłem całą porównawczą analizę genomową i uzyskałem wszystkie wyniki zaprezentowane na opublikowanych ilustracjach. Biorąc pod uwagę znaczący wkład w ten artykuł, jestem pierwszym autorem i współautorem korespondencyjnym.

## Publikacja #2

A. Fernandez-Nicolas\*, G. Machaj\*§, A. Ventos-Alfonso\*, V. Pagone, T. Minemura, T. Ohde, T. Daimon, G. Ylla✉ & X. Belles✉ (2023) [Reduction of embryonic E93 expression as a key factor for the evolution of insect metamorphosis](#). *Proceedings of the National Academy of Sciences*

Mój wkład w powstanie tego artykułu rozpoczął się na etapie powstania koncepcji projektu, który opierał się na moich wcześniejszych wynikach. Na ich podstawie przyczyniłem się do stworzenia nowego projektu badawczego, którego zwińczeniem była niniejsza publikacja. Po zaprojektowaniu eksperymentów i etapów analizy danych brałem udział w analizie danych, a także działałem jako mentor i przewodnik dla studentów i doktorantów zaangażowanych w różne aspekty projektu. Ponadto brałem udział w interpretacji i dyskusji wyników, w przygotowaniu ilustracji i tworzeniu manuskryptu. Ze względu na moją wiodącą rolę w całym projekcie jestem współautorem korespondencyjnym tego artykułu.

## Publikacja #3

N. Llonga\*, G. Ylla\*, J. Bau, X. Belles & MD. Piulachs✉ (2018): [Diversity of piRNA expression patterns during the ontogeny of the German cockroach](#). *Journal of Experimental Zoology, Part B*.

W ramach tego projektu brałem udział w opracowywaniu jego koncepcji oraz projektowaniu pozyskiwania danych eksperymentalnych i analizie danych bioinformatycznych. Nadzorowałem, prowadziłem i mentorowałem studenta, który przeprowadził zaprojektowaną przeze mnie analizę. Uczestniczyłem również w uzyskaniu i dyskusji wyników, przygotowaniu ilustracji i pisaniu pierwszej wersji manuskryptu. Z uwagi na mój istotny wkład jestem pierwszym współautorem artykułu.

#### Publikacja #4

J.C. Montañés, C. Rojano, **G. Ylla**✉, MD. Piulachs✉, L. Maestro✉ (2021): [siRNA enrichment in Argonaute 2-depleted \*Blattella germanica\*](#). *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms*.

Projekt zrodził się z moich wcześniejszych obserwacji dotyczących analizy siRNA przy użyciu sekwencjonowania małych RNA. W oparciu o te obserwacje brałem udział w opracowaniu nowego projektu badawczego, skupiającego się na badaniu biogenezy siRNA, łączącego eksperymenty biologii molekularnej i analizę danych z sekwencjonowania małych RNA. Oprócz udziału w projektowaniu eksperymentu, określiłem również strategię analizy danych oraz kierowałem i nadzorowałem studenta, który ją stosował. Brałem udział w przygotowaniu ilustracji i redagowaniu artykułu. Z uwagi na mój znaczący wkład jestem współautorem korespondencyjnym artykułu.

#### Publikacja #5

H. Tarikere\*, **G. Ylla**\*, C. Extavour✉ (2021). [Distinct gene expression dynamics in germ line and somatic tissue during ovariole morphogenesis in \*Drosophila melanogaster\*](#). *G3: Genomes, Genes, Genetics*.

Mój główny wkład w ten projekt polegał na przeprowadzeniu kompletnej analizy danych z dużego zbioru danych transkryptomicznych, na której opiera się artykuł. Oprócz zaprojektowania i wdrożenia analizy danych brałem udział w dyskusji wyników, pisaniu pierwszej wersji artykułu oraz tworzeniu ilustracji od 3 do 5. Z uwagi na ten znaczący wkład jestem pierwszym współautorem artykułu.

#### Publikacja #6

**G. Ylla**, T. Liu & A. Conesa✉ (2020): MirCure: [A tool for quality control, filter, and curation of microRNAs of animals and plants](#). *Bioinformatics*.

W pełni zaprojektowałem i wdrożyłem narzędzie MirCure, które zostało opublikowane w tym artykule. Byłem również mentorem studenta, który dołączył do projektu celem przeprowadzenia testów porównawczych i walidacji narzędzia. Napisałem pierwszą wersję manuskryptu i przygotowałem ilustracje. Tym samym, biorąc pod uwagę moją główną rolę w projekcie, jestem pierwszym autorem niniejszej publikacji.

## II. WYKAZ AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ ALBO ARTYSTYCZNEJ

1. Wykaz opublikowanych monografii naukowych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.1).

NIE DOTYCZY

2. Wykaz opublikowanych rozdziałów w monografiach naukowych.

1. Mito, T., Ishimaru, Y., Watanabe, T., Nakamura, T., **Ylla, G.**, Noji, S., & Extavour, C. G. (2022). Cricket: The third domesticated insect. In *Current Topics in Developmental Biology* (Vol. 147, pp. 291–306). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/bs.ctdb.2022.02.003>

3. Wykaz członkostwa w redakcjach naukowych monografii.

NIE DOTYCZY

4. Wykaz opublikowanych artykułów w czasopismach naukowych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.2).

1. **Ylla, G.** & Belles, X. (2015). Towards understanding the molecular basis of cockroach tergal gland morphogenesis. A transcriptomic approach. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 63, 104–112. <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2015.06.008>

**IF 2021:** 4.421 **Cytowania:** 11 **Punkty ministerialne 2021:** 100

2. **Ylla, G.**, Fromm, B., Piulachs, M. D., & Belles, X. (2016). The microRNA toolkit of insects. *Scientific Reports*, 6, 37736. <https://doi.org/10.1038/srep37736>

**IF 2021:** 4.997 **Cytowania:** 44 **Punkty ministerialne 2021:** 140

3. **Ylla, G.**, Piulachs, M. D., & Belles, X. (2017). Comparative analysis of miRNA expression during the development of insects of different metamorphosis modes and germ-band types. *BMC Genomics*, 18(1), 774. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-4177-5>

**IF 2021:** 4.558 **Cytowania:** 32 **Punkty ministerialne 2021:** 140

4. **Ylla, G.**, Piulachs, M.-D., & Belles, X. (2018). Comparative transcriptomics in two extreme neopterans reveal general trends in the evolution of modern insects. *iScience*, 4, 164–179. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2018.05.017>

**IF 2021:** 6.107 **Cytowania:** 26 **Punkty ministerialne 2021:** 20

5. Harrison, M. C., Arning, N., Kremer, L. P. M., **Ylla, G.**, Belles, X., Bornberg-Bauer, E., Huylmans, A. K., Jongepier, E., Piulachs, M. D., Richards, S., & Schal, C. (2018). Expansions of key protein families in the German cockroach highlight the molecular basis of its remarkable success as a global indoor pest. *Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution*, 330(5), 254–264. <https://doi.org/10.1002/jez.b.22824>

**IF 2021:** 2.368 **Cytowania:** 14 **Punkty ministerialne 2021:** 70

6. Llonga, N., Ylla, G., Bau, J., Belles, X., & Piulachs, M. D. (2018). Diversity of piRNA expression patterns during the ontogeny of the German cockroach. *Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution*, 330(5), 288–295. <https://doi.org/10.1002/jez.b.22815>

**IF 2021:** 2.368 **Cytowania:** 8 **Punkty ministerialne 2021:** 70

7. Harrison, M. C., Jongepier, E., Robertson, H. M., Arning, N., Bitard-Feildel, T., Chao, H., Childers, C. P., Dinh, H., Doddapaneni, H., Dugan, S., Gowin, J., Greiner, C., Han, Y., Hu, H., Hughes, D. S. T., Huylmans, A. K., Kemena, C., Kremer, L. P. M., Lee, S. L., Ylla, G ... Bornberg-Bauer, E. (2018). Hemimetabolous genomes reveal molecular basis of termite eusociality. *Nature Ecology and Evolution*, 2(3), 557–566. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0459-1>

**IF 2021:** 19.10 **Cytowania:** 185 **Punkty ministerialne 2021:** 100

8. Ventos-Alfonso, A., Ylla, G., & Belles, X. (2019). Zelda and the maternal-to-zygotic transition in cockroaches. *FEBS Journal*, 286(16), 3206–3221. <https://doi.org/10.1111/febs.14856>

**IF 2021:** 4.392 **Cytowania:** 10 **Punkty ministerialne 2021:** 100

9. Ylla, G., Liu, T., & Conesa, A. (2020). MirCure: a tool for quality control, filter and curation of microRNAs of animals and plants. *Bioinformatics*, 36(Supplement\_2), i618–i624. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa889>

**IF 2021:** 6.931 **Cytowania:** 3 **Punkty ministerialne 2021:** 200

10. Ventós-Alfonso, A., Ylla, G., Montañes, J.-C., & Belles, X. (2020). DNMT1 Promotes Genome Methylation and Early Embryo Development in Cockroaches. *IScience*, 23(12), 101778. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2020.101778>

**IF 2021:** 6.107 **Cytowania:** 9 **Punkty ministerialne 2021:** 20

11. Tarikere, S., Ylla, G., & Extavour, C. G. (2021). Distinct gene expression dynamics in germ line and somatic tissue during ovariole morphogenesis in *Drosophila melanogaster*. *G3 Genes|Genomes|Genetics*. <https://doi.org/10.1093/G3JOURNAL/JKAB305>

**IF 2021:** 3.542 **Cytowania:** 1 **Punkty ministerialne 2021:** 70

12. Blondel, L., Besse, S., Rivard, E. L., Ylla, G., & Extavour, C. G. (2021). Evolution of a Cytoplasmic Determinant: Evidence for the Biochemical Basis of Functional Evolution of the Novel Germ Line Regulator Oskar. *Molecular Biology and Evolution*, 38(12), 5491–5513. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab284>

**IF 2021:** 8.80 **Cytowania:** 3 **Punkty ministerialne 2021:** 200

13. Herrera, S., Hormaza, J. I., Lora, J., Ylla, G., & Rodrigo, J. (2021). Molecular characterization of genetic diversity in apricot cultivars: Current situation and future perspectives. *Agronomy*, 11(9), 1714. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091714>

**IF 2021: 3.949 Cytowania: 8 Punkty ministerialne 2021: 100**

14. **Ylla, G.**, Nakamura, T., Itoh, T., Kajitani, R., Toyoda, A., Tomonari, S., Bando, T., Ishimaru, Y., Watanabe, T., Fuketa, M., Matsuoka, Y., Barnett, A. A., Noji, S., Mito, T., & Extavour, C. G. (2021). Insights into the genomic evolution of insects from cricket genomes. *Communications Biology*, 4(1), 733. <https://doi.org/10.1038/s42003-021-02197-9>

**IF 2021: 6.548 Cytowania: 41 Punkty ministerialne 2021: 20**

15. Montañés, J. C., Rojano, C., **Ylla, G.**, Piulachs, M. D., & Maestro, J. L. (2021). siRNA enrichment in Argonaute 2-depleted *Blattella germanica*. *Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms*, 1864(6–7), 194704. <https://doi.org/10.1016/j.bbagrm.2021.194704>

**IF 2021: 6.304 Cytowania: 4 Punkty ministerialne 2021: 100**

16. Nakamura, T., **Ylla, G.**, & Extavour, C. G. (2022). Genomics and genome editing techniques of crickets, an emerging model insect for biology and food science. *Current Opinion in Insect Science*, 50, 100881. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2022.100881>

**IF 2021: 5.254 Cytowania: 5 Punkty ministerialne 2021: 100**

17. Fernandez-Nicolas, A., Machaj, G., Ventos-Alfonso, A., Pagone, V., Minemura, T., Ohde, T., Daimon, T., **Ylla, G.**, & Belles, X. (2023). Reduction of embryonic E93 expression as a hypothetical driver of the evolution of insect metamorphosis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 120(7), e2216640120. <https://doi.org/10.1073/PNAS.2216640120>

**IF 2021: 12.779 Cytowania: 1 Punkty ministerialne 2021: 200**

5. Wykaz osiągnięć projektowych, konstrukcyjnych, technologicznych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.3).

NIE DOTYCZY

6. Wykaz publicznych realizacji dzieł artystycznych (z zaznaczeniem pozycji niewymienionych w pkt I.3).

NIE DOTYCZY

7. Wykaz wystąpień na krajowych lub międzynarodowych konferencjach naukowych lub artystycznych, z wyszczególnieniem przedstawionych wykładów na zaproszenie i wykładów plenarnych.

☞ na zaproszenie organizatorów, podkreślono osobę prezentującą.

### Wystąpienia konferencyjne

1. "Could E93 play the adult specifier role in the embryo?" ☞Invited by the organizers to present at the XXVI International Congress of Entomology. Helsinki, Finland, 2022.
2. "Comparative genomics of insects to unveil the evolution of gene regulatory networks". ☞ Invited by the organizers to present at the Bioinformatics in Torun conference by the Polish Bioinformatics Society 2022. Torun, Poland 2022.
3. "Cricket genomes: unveiling the genomes of future food". 6th Polish Congress of Genetics, Kraków 2022.
4. "The New FBB's Laboratory of Bioinformatics and Genome Biology: Computational approaches to study genes, genomes, and gene regulatory networks". ☞ Invited by the organizers to present at the FBBB Jubilee Conference. Krakow, Poland 2021.
5. "MirCure: A tool for quality control, filter, and curation of microRNAs of animals and plants". European Conference on Computational Biology. Online Meeting due to COVID19, 2020.
6. "Genome assembly and annotation of the cricket *Gryllus bimaculatus*". ☞ Invited by the organizers to present at the International Plant and Animal Genome Conference, San Diego, USA, 2020.
7. "The miRNA toolkit of insects". ☞Invited by the organizers to present at the International Doctoral Students Conference of the Zhejiang University, Hangzhou, China, 2017.

### Wykłady na zaproszenie

1. "small RNAs: when the small rule the bigger. ☞Winter school of the Faculty of Biochemistry, Biophysics, and Biotechnology Krakow, Poland 2022.
2. "A scientific journey unveiling evolution with bioinformatics ". Master in Omics Data Analysis, of the University of Vic, 2022.
3. "Introduction to Git and GitHub". ☞Master in Bioinformatics and Biostatistics of the Open University of Catalonia-University of Barcelona, Barcelona, 2021.
4. "From UVic to the USA: a scientific journey unveiling evolution using bioinformatics". ☞Master in Omics Data Analysis of the University of Vic, 2021.
5. "Modern Synthesis". ☞Course HSCI S-118: Darwin, Evolution and Society in the 19th and 20th centuries of Harvard University, Cambridge, MA, USA, 2020.

### Postery (wymieniono tylko postery których jestem pierwszym autorem)

1. “Cricket genomes: the genomes of future food”. Arthropods Genomics Symposium, 2020. Online Symposium and virtual-poster presentation amid COVID19 pandemic.
2. “Genome assembly and annotation of the cricket *Gryllus bimaculatus*”. Gordon Research Seminar on Ecological and Evolutionary Genomics, Southern New Hampshire University, 2019.
3. “Genome assembly and annotation of the cricket *Gryllus bimaculatus*”. Arthropods Genomics Symposium, Kansas State University, 2019.
4. “Understanding the functional role of alternative splicing in tomato”. Florida Genetics Symposium, University of Florida, 2018.
5. “The miRNA complement of the hemimetabolous insect *Blattella germanica*”. V Meeting of the Spanish Society for Evolutionary Biology, Murcia, Spain, 2016.
6. “Development of cockroach tergal glands as a minimal model of insect”. IV Meeting of the Spanish Society for Evolutionary Biology, Barcelona, 2013

### Doniesienia konferencyjne członków Ylla Lab

✉ autor korespondencyjny, § członkowie Ylla-lab

1. G. Machaj§ & G. Ylla✉ (2022). “A novel transcriptomic role of E93 in insect embryogenesis”. **Wystąpienie** at the Winter school of the Faculty of Biochemistry, Biophysics, and Biotechnology of the Jagiellonian University, Krakow, Poland.
2. D. Robak§ & G. Ylla✉ (2022). “Novel tool for annotating piRNA clusters”. **Poster** at the Winter school of the Faculty of Biochemistry, Biophysics, and Biotechnology of the Jagiellonian University, Krakow, Poland.
3. G. Machaj§, A. Fernandez-Nicolas, A. Ventos-Alfonso, V. Pagone, X. Belles, G. Ylla✉ (2022). “A novel embryonic role of E93 transcription factor in holo- and hemimetabolous species”. **Poster** at the 6th Polish Congress of Genetics, Kraków 2022.
4. R. Miłodrowski§ & G. Ylla✉ (2022). “What information can you acquire from 3000 genomes of Arthropods”. **Poster** at the 6th Polish Congress of Genetics, Kraków 2022.

### Inne wystąpienia i postery, których jestem współautorem

1. M. Garrigos, G. Ylla, J. Martínez-de la Puente, J. Figuerola, & M. J. Ruiz-López (2022). “Differential gene expression in *Culex pipiens* mosquitoes exposed to different avian Plasmodium lineages”. **Poster** Arthropods Genomics Symposium, 2022.
2. S. Tarikere, G. Ylla, T. Kumar, & C. Extavour (2022). “Germline vs. Soma – Does chinmo make the difference? **Poster** Conference of the Molecular and Cell Biology Department of Harvard University“.
3. S. Herera§, J. Lora, J.I. Hormaza, G. Ylla, & J. Rodrigo. “Molecular characterization of apricot genotypes by SSR markers”. **Poster** Rosaceae Genomics Conference. Online Symposium amid COVID19 pandemic.
4. N. Llonga, G. Ylla, J. Bau, X. Belles & M-D. Piulachs (2018) “Differential expression of piRNAs during the ontogeny of *Blattella germanica*, a short germ-band, hemimetabolous insect”. **Poster** II. Biology Conference of the Catalan Society for Biology, Barcelona, Spain.
5. X. Belles, C. Santos & G. Ylla (2016) “The tergal glands of male cockroaches as a minimal model of insect metamorphosis. **Wykład** Seventh International Symposium on Molecular Insect Science, Amsterdam, Netherlands.
6. X. Belles, G. Ylla, A. Fernandez-Nicolas & M-D. Piulachs (2016) “MicroRNAs and the evolution of insect metamorphosis”. **Wykład** XXV International Congress of Entomology, Orlando, USA. Oral presentation by Belles, X.



7. N. Barniol, A. Hueso, M. Torres-moreno, G. Ylla, L. Carol & C. Blanch (2013) "Characterization of volatile organic compounds in the truffle *Tuber brumale* by HS-SPME and GS-MS analysis". **Poster** XII Scientific Meeting of the Spanish Society of chromatography and Related Techniques, Tarragona, Spain.
8. Wykaz udziału w komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych, z podaniem pełnionej funkcji.

NIE DOTYCZY

9. 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.

#### **Finansowane projekty badawcze jako główny badacz**

1. "Functional roles of somatic piRNAs and their evolution", **Źródło finansowania:** Sonata 17, National Science Center of Poland, 1,329,209PLN (~\$310,000), **Lata:** 2022-2026. **PI:** Guillem Ylla.

Jestem samodzielnym głównym badaczem (PI) tego projektu. W pełni wymyśliłem i zaprojektowałem grant oraz napisałem wnioski. Do moich zadań w projekcie należy zarządzanie środkami grantowymi, rekrutacja zespołu i nadzór nad nim, dyskusja i interpretacja wyników oraz napisanie końcowego podsumowania.

#### **Finansowane projekty badawcze jako Mentor w Ylla Lab**

1. "Molecular Analysis of Abiotic Stress Tolerance in Finger Millet: Improving a Climate Resilient Crop for Food and Nutrition Security". **Źródło finansowania:** Polonez Bis 2, National Science Center of Poland, 901,432PLN (~\$202,000). **Lata:** 2023-2025, Project, **PI:** Edossa Fikiru.

Grant Polonez Bis 2 ma na celu zachęcenie osób na stażu podoktorskim (*postdoc*) z zagranicy do podjęcia projektów badawczych w Polsce. Sponsorowałem dr Fikiru przy jego aplikacji Polonez Bis i pomagałem mu przygotować projekt i napisać grant. W mojej roli mentora i gospodarza Będę zapewniać dr Fikiru warunki do realizacji projektu, będę mentorem oraz udzielę doradztwa naukowo-technicznego.

2. "Involvement of small RNAs in sugar beet response to the rhizomania causing virus". **Źródło finansowania:** Miniatura 6, National Science Center of Poland, 49,995PLN (~\$10,000). **Rok:** 2023. **PI:** Gabriela Machaj.

Dr Machaj jest pracownikiem naukowym na stażu podoktorskim w moim laboratorium, ostatnio otrzymał stypendium Miniatura. Moją rolą jako mentora dr Machaj była pomoc w opracowaniu projektu, zapewnienie zasobów do jego realizacji oraz zapewnienie mentoringu i wskazówek w zakresie badań.

## Udział w finansowanych projektach badawczych w ramach zespołu badawczego

1. “MUSH-IT: MUlti Species Hemimetabolous Insect Tools”. **Źródło finansowania:** National Science Foundation, 3,100,791\$ (NSF 21-546). **Lata:** 2022-2026. **PI:** Cassandra Extavour.

W ramach tego grantu jestem członkiem zespołu roboczego. Zajmę się częścią bioinformatycznej analizy genomów.

2. “Non-polluting control of cockroach pests by eliminating their essential symbionts”. **Źródło finansowania:** Ministerio de Ciencia e Innovación, 127,650€ (TED2021-130489B-I00). **Lata:** 2022-2024. **PI:** Xavier Belles.

Moją rolą jako członka zespołu badawczego będzie kierowanie i doradzanie studentowi odpowiedzialnemu za analizę bioinformatyczną.

3. “piRNAs, gene regulation and insect pest control”. **Źródło finansowania:** Ministerio de Ciencia e Innovación, 148,830€ (PID2021-122316OB-I00). **Lata:** 2022-2025. **PI:** M. Dolors Piulachs.

Moją rolą jako członka zespołu badawczego jest kierowanie i doradzanie studentowi odpowiedzialnemu za analizę bioinformatyczną.

4. “Key transitions in the embryogenesis of a hemimetabolous insect. Juvenile hormone, transcription factors and microRNAs”. **Źródło finansowania:** Ministerio de Economía y Competitividad, 227,601€ (CGL2015-64727-P). **Lata:** 2016-2019. **PI:** Xavier Belles.

Podczas części mojego doktoratu zostałem zatrudniony w ramach tego grantu do wykonania analizy bioinformatycznej.

5. “RNAi *a la carte* for cockroach pest control”. **Financed by:** Ministerio de Economía y Competitividad, 119,790€ (CGL2016-76011-R). **Years:** 2017-2020. **PI:** M. Dolors Piulachs.

Podczas części mojego doktoratu zostałem zatrudniony w ramach tego grantu do wykonania analizy bioinformatycznej.

10. Wykaz członkostwa w międzynarodowych lub krajowych organizacjach i towarzystwach naukowych wraz z informacją o pełnionych funkcjach.

NIE DOTYCZY

11. Wykaz staży w instytucjach naukowych lub artystycznych, w tym zagranicznych, z podaniem miejsca, terminu, czasu trwania stażu i jego charakteru.

**11/2022- Kierownik zespołu**, Pracownia Bioinformatyki i Biologii Genomu. Uniwersytet Jagielloński, Krakow, Poland

**01/2019-10/2021 Staż podoktorski (*postdoc*)**, Organismic and Evolutionary Biology Department, Harvard University, Cambridge, MA. Faculty Advisor: Cassandra Extavour, Ph.D.

**2018-19 Staż podoktorski (*postdoc*)**, Microbiology & Cell Science Department, University of Florida, Gainesville, FL. Faculty Advisor: Ana Conesa, Ph.D.

**09/2015-01/2018 Doktorant**, Institute of Evolutionary Biology, CSIC - Pompeu Fabra University, Barcelona. Faculty Advisors: Xavier Belles, Ph.D. & M. Dolores Piulachs, Ph.D.

**06/2015-08/2015, National Yang-Ming University** in Taipei Taiwan. Program badań i szkoleń praktycznych, Taiwan, **Projekt**: “*miRNA regulatory networks reconstruction techniques*” in the Computational Systems Biology Laboratory. **Źródło finansowania**: Bureau de Representation de Taipei en France, 2015, amount: 50,000NTD (\$1,600).

**02/2013-08/2015 Technik bioinformatyk**, Institute of Evolutionary Biology, CSIC - Pompeu Fabra University, Barcelona. Faculty Advisors: Xavier Belles, Ph.D. & M. Dolores Piulachs, Ph.D.

**09/2013-08/2014 Magister analizy danych omicznych (M.Sc. in Omics Data Analysis)** University of Vic, Catalonia, Spain

**07/2011-09/2011 Beijing Language and Culture University** in Beijing, China. Kurs języka i kultury.

**07/2012-02/2013 Dalian University of Foreign Language**, Dalian, China. Kurs języka i kultury.

**2010-2012 University of Vic (UVic)**, Vic, Barcelona, Spain. Staż naukowy w laboratorium Consol Blanch. **Projekt**: “Studying the volatile compounds of the black truffle (*Tuber melanosporum*)”.

**09/2008-07/2012 Licencjat w dziedzinie biotechnologii (B.Sc. in Biotechnology)**, University of Vic, Catalonia, Spain

12. Wykaz członkostwa w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism wraz z informacją o pełnionych funkcjach (np. redaktora naczelnego, przewodniczącego rady naukowej, itp.).

NIE DOTYCZY

13. Wykaz recenzowanych prac naukowych lub artystycznych, w szczególności publikowanych w czasopismach międzynarodowych.

Recenzowałem oryginalne prace badawcze w następujących czasopismach naukowych:

- Insect Biochemistry and Molecular Biology.
- BMC Biology.
- Genes.
- Plos One.
- GigaByte.
- Genome Biology and Evolution.
- Open Biology.

14. Wykaz uczestnictwa w programach europejskich lub innych programach międzynarodowych.

W moim laboratorium gościłem 1 staż studencki w ramach programu ERASMUS+ oraz 1 doktoranta z Hiszpanii w ramach stypendium FPU.

15. Wykaz udziału w zespołach badawczych, realizujących projekty inne niż określone w pkt. II.9.

NIE DOTYCZY

16. Wykaz uczestnictwa w zespołach oceniających wnioski o finansowanie badań, wnioski o przyznanie nagród naukowych, wnioski w innych konkursach mających charakter naukowy lub dydaktyczny.

2016-2017 Członek komitetu Katalońskiej Agencji ds. Oceny Jakości Uniwersytetów (*Catalan Agency for Quality Assessment of Universities, AQU*) opracowującego strategię oceny publicznych uniwersytetów Katalonii.

### III. WSPÓŁPRA Z OTOCZENIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

1. Wykaz dorobku technologicznego.

NIE DOTYCZY

2. Współpraca z sektorem gospodarczym.

2015-2018 CEO i współzałożyciel **Biocloud**. Biocloud Services był startupem, który zapewniał zasoby obliczeniowe w chmurze do badań i nauczania bioinformatyki na uniwersytetach i ośrodkach badawczych. W ciągu 3 lat działalności mieliśmy klientów przemysłowych i akademickich na całym świecie.

2023- Nawiązanie współpracy dla studentów i wymiany staży podoktorskich (postdoc) z **BGI genomics**, wiodącą na świecie firmą zajmującą się genomiką.

3. Wykaz uzyskanych praw własności przemysłowej, w tym uzyskanych patentów krajowych lub międzynarodowych.

NIE DOTYCZY

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 eksperckich lub konkursowych.

NIE DOTYCZY

7. Wykaz projektów artystycznych realizowanych ze środowiskami pozaartystycznymi.

NIE DOTYCZY

#### IV. DANE NAUKOMETRYCZNE

Wskaźniki bibliometryczne publikacji podsumowano w **Tabeli 2**, a bardziej szczegółowo opisano w poniższych sekcjach.

**Tabela 2:** Statystyki zbiorcze autorskich artykułów naukowych.

	Podczas doktoratu			Po doktoracie			Wszystkie		
	Liczba	IF	Cytowania	Liczba	IF	Cytowania	Liczba	IF	Cytowania
<b>Badania</b>	5	34	298	11	68	96	16	102	394
<b>Przeglądowe / Rozdziały</b>	-	-	-	2	11	5	2	11	5
<b>Wszystkie</b>	5	34	298	13	79	101	18	113	399
							<b>Cytowania Łącznie:</b>		<b>399</b>
							<b>Bez autocytowań</b>		<b>386</b>
							<b>H-Index:</b>		<b>9</b>

1. Impact Factor (w dziedzinach i dyscyplinach, w których parametr ten jest powszechnie używany jako wskaźnik naukometryczny).

Suma **Impact Factor** czasopism, które opublikowały 18 artykułów mojego autorstwa, wynosi **113 (Tabela 2)**. *Impact factor* uzyskano z Journal Citation Reports™ 2021 obliczony na podstawie web of science.

2. Liczba cytowań publikacji wnioskodawcy, z oddzielnym uwzględnieniem autocytowań.


Do tej pory artykuły, których jestem autorem, zgromadziły łącznie **399** cytowań, a wyłączając autocytowania **386 (Tabela 2)**, według Google Scholar. Według Web of science liczba cytowań wynosi 276, a po wyłączeniu autocytowań 244.

3. Indeks Hirscha.

**Indeks h**, liczony jako liczba artykułów o liczbie cytowań większej niż h, wynosi 9. Oznacza to, że 9 z artykułów autorskich było cytowanych 9 lub więcej razy. Indeks h według Google Scholar jest taki sam. Według web of science indeks h wynosi 8 po poprawieniu błędów (cytowania sprostowań nie są automatycznie wliczane do publikacji głównej, ani cytowania przeddruku artykułu).

4. Punkty ministerialne

Według **punktów nadanych czasopismom przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego w 12/2021** suma punktów czasopism, w których publikowałem wynosi **1750**.

  
.....  
(podpis wnioskodawcy)