

Curriculum vitae

Grzegorz Marcin Koczyk

Urodzony: 24/10/1978 (Poznań, Polska)

Laboratorium Biometrii, Instytut Genetyki Roślin, Polska Akademia Nauk,

Strzeszyńska 34, 60-479, Poznań, Polska

e-mail: gkoc@igr.poznan.pl

Wykształcenie:

- 2002-2007 doktorant (Instytut Genetyki Roślin/Uniwersytet Adama Mickiewicza, Poznań, Polska); tytuł pracy: „Adnotacja funkcjonalna genów metodami profilowej analizy sekwencji”; tytuł doktorski uzyskano 18/01/2008
- 2001-2002 magistrant; biologia molekularna (Uniwersytet Adama Mickiewicza); tytuł pracy magisterskiej: „Computational aspects of phylogenetic analysis: In search of paralogs”
- 1997-2002 student Wydziału Biologii (UAM); Indywidualny Tok Studiów (2000-2002) uwzględniający elementy kierunku: Informatyka, Wydziału Elektrycznego Politechniki Poznańskiej (m.in.: języki programowania, kompilatory, projektowanie zorientowane obiektowo, bazy danych, matematyka i statystyka)

Aktywność naukowa i zawodowa:

- 2010-2013 kierownik projektu badawczo-rozwojowego NCBiR/LIDER 19/113/L-1/09/NCBiR/2010 “Modelowanie, przewidywanie i weryfikacja zdolności grzybów do akumulacji toksyn”
- 2008-... pracownik naukowy Pracowni Biometrii, Instytutu Genetyki Roślin PAN (adiunkt)
- 2008-... współautor i administrator serwisu narzędziowego DHcL służącego analizie hierarchii domen białkowych i tworzącej ją struktury zamkniętych pętli (<http://sitron.bccs.uib.no/dhcl>)
- 2006-... twórca i administrator narzędzia LigProf służącego przewidywaniu powinowactwa białek do małowcząsteczkowych ligandów (<http://cropnet.pl/ligprof>)
- 2004-2007 prowadzący część zajęć z zakresu Bioinformatyki dla studentów studiów doktoranckich Wydziału Biologii (UAM) i Instytutu Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk. Prowadzone zajęcia dotyczyły: baz danych informacji biologicznej, analizy sekwencji DNA i białek
- 2004-2006 pracownik Instytutu BioInfoBank (<http://bioinfo.pl>) pracujący nad narzędziami służącymi przewidywaniu funkcji białek z wykorzystaniem metod profilowej analizy sekwencji, w ramach projektów: DATAGENOM (LSHB-CT-2003-503017) i GENEFUN (LSHG-CT-2004- 503567)
- 2003-... twórca i administrator serwera sieciowego i zasobów danych Krajowej Sieci Naukowej „Transgeneza i genomika roślin uprawnych” (<http://cropnet.pl>)

Lista publikacji:

1. Błaszczyk L, Popiel D, Chełkowski J, Koczyk G, Samuels GJ, Sobieralski K, Siwulski M (2011) "Species diversity of *Trichoderma* in Poland" *J Appl Genet.* ; 52(2):233-43.
2. Stępień L, Koczyk G, Waśkiewicz A. (2011) "FUM cluster divergence in fumonisins-producing *Fusarium* species" *Fungal Biol.*; 115(2):112-23.
3. Kaczmarek M, Koczyk G, Ziolkowski PA, Babula-Skowronska D, Sadowski J (2009) „Comparative analysis of the *Brassica oleracea* genetic map and the *Arabidopsis thaliana* genome" *Genome*; 52(7):620-33
4. Ziolkowski PA, Koczyk G, Galganski L, Sadowski J (2009) Genome sequence comparison of Col and Ler lines reveals the dynamic nature of *Arabidopsis* chromosomes. *Nucleic Acids Res.*; 37(10):3189-201
5. Koczyk G, Berezovsky IN (2008) „Domain Hierarchy and closed Loops (DHcL): a server for exploring hierarchy of protein domain structure." *Nucleic Acids Res.*; 36(Web Server issue):W239-45
6. Wyrwicz LS, Koczyk G, Rychlewski L (2008) „ Homologues of HSV-1 nuclear egress factor UL34 are potential phosphoinositide-binding proteins." *Acta Biochim Pol.*;55(1):207-13
7. Stępień Ł, Popiel D, Koczyk G, Chełkowski J. (2008) „Wheat-infecting *Fusarium* species in Poland – their chemotypes and frequencies revealed by PCR assay." *J Appl Genet.*; 49(4): 433-41
8. Masojc B, Medrek K, Debniak T, Lubinski J, Wyrwicz LS, Koczyk G, Hoffmann M, Rychlewski L. (2007) „ARLTS1 Trp149Stop mutation and the risk of ovarian cancer" *Cancer Res.*; 67(9):4533
9. Wyrwicz LS, Koczyk G, Rychlewski L, Plewczynski D (2007) „ProteinSplit: splitting of multidomain proteins using prediction of ordered and disordered regions in protein sequences for virtual structural genomics" *J Phys: Condens. Matter* 19:285222 (8pp); doi:10.1088/0953-8984/19/28/285222
10. Koczyk G, Wyrwicz LS, Rychlewski L. (2007) „LigProf: a simple tool for in silico prediction of ligand-binding sites" *J Mol Model.*; 13(3):445-55
11. Stępień Ł, Mohler V, Bocianowski J, Koczyk G (2007) „Assessing genetic diversity of Polish wheat" *Genet. Resour. Crop Ev.*; doi:10.1007/s10722-006-9140-2
12. von Grotthuss M, Koczyk G, Pas J, Wyrwicz LS, Rychlewski L (2004)

„Ligand.Info small molecule Meta-Database” Comb Chem High Throughput Screen.; 7(8):757-61

13. Koczyk G, Chełkowski J (2003) „An assessment of the resistance gene analogues of *Oryza sativa* ssp. *japonica*: their presence and structure” Cell Mol Biol Lett.; 8(4):963-72

14. Chełkowski J, Koczyk G. (2003) „Resistance gene analogues of *Arabidopsis thaliana*: recognition by structure” J Appl Genet.;44(3):311-21

15. Komosiński M, Koczyk G, Kubiak M (2001) „On Estimating Similarity of Artificial and Real Organisms” Theory in Biosciences; 120(3-4):271-286

Ważniejsze umiejętności:

- bieżąca, b. dobra znajomość praktyczna i teoretyczna zagadnień związanych z projektowaniem, implementacją i utrzymywaniem narzędzi służących zarówno analizie struktur białkowych jak i analizie sekwencji DNA/białek (np. serwisy WWW: <http://cropnet.pl/ligprof>, <http://sitron.bccs.uib.no/dhcl>)
- dobra znajomość języków programowania: Python, C/C++, Perl, R
- dobra znajomość systemów baz danych (SQLite, MySQL, PostgreSQL) i bibliotek/narzędzi użytkowych (Boost, Myghty, Django, NumPy, SciPy, BioPython, GraphViz, Rpy, Matplotlib, 4Suite)
- średnia znajomość języków programowania: Java, JavaScript)
- doświadczenie w tworzeniu stron WWW z wykorzystaniem technologii HTML/CSS/ JavaScript
- praktyczne doświadczenie w administrowaniu serwerami sieciowymi (Linux, Apache, ModPython) i zarządzaniu klastrami obliczeniowymi (Torque/Maui)
- praktyczne doświadczenia i znajomość teoretycznych podstaw bioinformatycznych narzędzi analizy sekwencji DNA/białek i struktur białkowych: NCBI-BLAST, WU-BLAST, BLASTZ, CLUSTALW, MUSCLE, HMMer, WISE, MEME/MAST, MODELLER, Jaccal, PHYLIP, PyMol, EMBOSS
- doświadczenie w prowadzeniu kursów dotyczących w/w zagadnień (patrz: Aktywność zawodowa)
- wiedza teoretyczna i praktyczna z zakresu zagadnień: biologii molekularnej (w szczególności: biochemia, biologia molekularna roślin) i informatyki (rachunek prawdopodobieństwa i statystyka, projektowanie zorientowane obiektowo i inżynieria oprogramowania, systemy zarządzania bazami danych)
- znajomość języków: angielski (b. dobra), polski (b. dobra), francuski (podstawowa)