

Załącznik 2

doktor Jakub Barylski

Autoreferat

przedstawiający opis dorobku

i osiągnięć naukowych

**Nowe spojrzenie na strukturę, różnorodność i
ewolucję
genomów bakteriofagów z klasy *Caudoviricetes***

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Wydział Biologii

Zakład Wirusologii Molekularnej

Poznań 2023

1. **Imię i nazwisko: Jakub Barylski**
2. **Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne** – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej
 - **Dyplom doktora nauk biologicznych w zakresie biologii (spec. biologia molekularna)** - stopień naukowy doktora nadany uchwałą Rady Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, 2012
Tytuł rozprawy doktorskiej: „*Charakterystyka nowo odkrytego bakteriofaga Φ AGATE wyizolowanego z wody i osadów Jeziora Góreckiego*”; promotor - prof. dr hab. Anna Goździcka-Józefiak
 - **Dyplom magistra biotechnologii** - Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, 2008
 - **Dyplom licencjata biotechnologii** - Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, 2006
3. **Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych:** od 2012 - Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Wirusologii Molekularnej, stanowisko: adiunkt
4. **Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.).**
 - a) **Tytuł osiągnięcia naukowego: Nowe spojrzenie na strukturę, różnorodność i ewolucję genomów bakteriofagów z klasy *Caudoviricetes***
 - b) **Publikacje wchodzące w zakres osiągnięcia naukowego:**

Osiągnięcie naukowe składa się z cyklu dziewięciu monotematycznych prac opublikowanych w latach 2019-2022, których sumaryczny IF jest równy 38,8 | 45,6 | 39,5 (z roku publikacji | 5-letni wyliczony w roku 2022 | z roku 2022) a liczba punktów MEiN wynosi 1130. W 3 publikacjach jestem pierwszym autorem, w 2 jestem drugim autorem ze wskazaniem na równorzędny wkład (✉) a w 4 jestem autorem korespondencyjnym (✉).

Wartość IF pobrana z bazy danych Web of Science (WoS). Punkty Ministerialne zgodnie z Wykazem czasopism punktowanych MEiN (załącznik do komunikatu Ministra Edukacji i Nauki z 17 lipca 2023, oraz wcześniejsze wersje dokumentu) oraz Wykazem wydawnictw publikujących recenzowane monografie naukowe (Załącznik do komunikatu Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego z dnia 29 września 2020 r.).

Przy każdej z publikacji podano:

- Impact factor: z roku publikacji / 5-letni wyliczony w roku 2022 / z roku 2022
- Punktację MEiN/MNiSW: z roku publikacji / z roku 2022.
Asterisk (*) oznacza punktację sprzed zmiany zakresu w 2017 r. (1-50 pkt)
- Liczbę cytowań (na dzień 30.08.2023)

- Os1. **Barylski J**[☑], Nowicki G, Goździcka-Józefiak A. The Discovery of phiAGATE, A Novel Phage Infecting *Bacillus pumilus*, Leads to New Insights into the Phylogeny of the Subfamily Spounavirinae. *PLOS ONE*. 2014;9(1):e86632.
[doi:10.1371/journal.pone.0086632](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0086632)
IF 3.2|3.8|3.7; MEiN 40*|140; Cyt. 28
- Os2. Nowicki G, **Barylski J**[☑], Kujawa N, Goździcka-Józefiak A. Complete Genome Sequence of Lelliottia Podophage phD2B. *Genome Announc*. 2014;26;2(6):e01046-14.
[doi:10.1128/genomeA.01046-14](https://doi.org/10.1128/genomeA.01046-14)
IF n.d.|n.d.|n.d.; MEiN 5*|70; Cyt. 3
- Os3. Rashid SJ[☑], **Barylski J**[☑], Hargreaves KR, Millard AA, Vinner GK, Clokie MRJ[☑]. Two Novel Myoviruses from the North of Iraq Reveal Insights into *Clostridium difficile* Phage Diversity and Biology. *Viruses*. 2016;8(11):310.
[doi:10.3390/v8110310](https://doi.org/10.3390/v8110310)
IF 3.5|4.8|4.7; MEiN 30*|100; Cyt. 24
- Os4. Nowicki G, Walkowiak-Nowicka K, Zemleduch-Barylska A, Mleczko A, Frąckowiak P, Nowaczyk N, Kozdrowska E, **Barylski J**[☑]. Complete genome sequences of two novel autographiviruses infecting a bacterium from the *Pseudomonas fluorescens* group. *Arch Virol*. 2017;162(9):2907-2911.
[doi:10.1007/s00705-017-3419-9](https://doi.org/10.1007/s00705-017-3419-9)
IF 2.2|2.4|2.7 ; MEiN 20*|70; Cyt. 8
- Os5. Harhala M[☑], **Barylski J**[☑], Humińska-Lisowska K, Lecion D, Wojciechowicz J, Lahutta K, Kuś M, Kropinski AM, Nowak S, Nowicki G, Hodyra-Stefaniak K, Dąbrowska K[☑]. Two novel temperate bacteriophages infecting *Streptococcus pyogenes*: Their genomes, morphology and stability. *PLOS ONE*. 2018;13(10):e0205995.
[doi:10.1371/journal.pone.0205995](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0205995)
IF 2.8|3.8|3.7 ; MEiN 40*|140; Cyt. 9

- Os6. Węglewska M, **Barylski J**[✉], Wojnarowski F, Nowicki G, Łukaszewicz M. Genome, biology and stability of the Thurquoise phage – A new virus from the Bastillevirinae subfamily. *Frontiers in Microbiology*. 2023;14. [doi.org:10.3389%2Ffmicb.2023.1120147](https://doi.org/10.3389%2Ffmicb.2023.1120147)
IF 5.2|6.2|5.2 ; MEiN 100|140; Cyt. 0
- Os7. **Barylski J**, Enault F, Dutilh BE, Schuller MB, Edwards RA, Gillis A, Klumpp J, Knezevic P, Krupovic M, Kuhn JH, Lavigne R, Oksanen HM, Sullivan MB, Jang HB, Simmonds P, Aiewsakun P, Wittmann J, Tolstoy I, Brister JR, Kropinski AM, Adriaenssens EM[✉]. Analysis of Spounaviruses as a Case Study for the Overdue Reclassification of Tailed Phages. *Systematic Biology*. 2020;69(1):110-123. [doi:10.1093/sysbio/syz036](https://doi.org/10.1093/sysbio/syz036)
IF 8.8|11.0|6.5; MEiN 200|200; Cyt. 62
- Os8. **Barylski J**, Kropinski AM, Alikhan NF, Adriaenssens EM[✉]. ICTV Virus Taxonomy Profile: Herelleviridae. *J Gen Virol*. 2020;101(4):362-363. [doi:10.1099/jgv.0.001392](https://doi.org/10.1099/jgv.0.001392)
IF 3.9|3.8|3.8 ; MEiN 70|70; Cyt. 24
- Os9. Simmonds P[✉], Adriaenssens EM[✉], Zerbini FM[✉], Abrescia NGA, Aiewsakun P, Alfenas-Zerbini P, Bao Y, **Barylski J**, Drosten C, Duffy S, Duprex WP, Dutilh BE, Elena SF, García ML, Junglen S, Katzourakis A, Koonin EV, Krupovic M, Kuhn JH, Lambert AJ, Lefkowitz EJ, Łobocka M, Lood C, Mahony J, Meier-Kolthoff JP, Mushegian AR, Oksanen HM, Poranen MM, Reyes-Muñoz A, Robertson DL, Roux S, Rubino L, Sabanadzovic S, Siddell S, Skern T, Smith DB, Sullivan MB, Suzuki N, Turner D, Doorslaer KV, Vandamme AM, Varsani A, Vasilakis N. Four principles to establish a universal virus taxonomy. *PLOS Biology*. 2023;21(2):e3001922. [doi:10.1371/journal.pbio.3001922](https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3001922)
IF 9.2|9.8|9.2 ; MEiN 200|200; Cyt. 4

c) Omówienie celu naukowego wyżej wymienionych prac i osiągniętych wyników:

Wprowadzenie

Celem badań, których wyniki przedstawiam w ramach osiągnięcia naukowego, było poznanie budowy, różnorodności i ewolucji genomów wybranych fagów z klasy *Caudoviricetes*.

Klasa *Caudoviricetes* jest największym taksonem skupiającym wirusy infekujące bakterie i archeony. W chwili obecnej (01.09.2023) w jej skład wchodzi 63 rodziny, 1360 rodzaje i 4079 gatunków. Wszystkie te fagi są określane jako „ogonkowe”, a łacińska nazwa klasy wywodzi się od słowa *cauda*, które oznacza właśnie ogon. Poza wspomnianym ogonkiem o strukturze helisy lub stosu dysków, wiriony *Caudoviricetes* składają się z główki

w formie ikozaedru (dwudziestościanu foremego), w której znajduje się materiał genetyczny. Genomy *Caudoviricetes* mają wielkość od około 10 tys. do niemal pół miliona par zasad (pz). Tworzy je pojedyncza dwuniciowa liniowa cząsteczka DNA (a zatem należą do dziedziny *Duplodnaviria*), która często kończy się fragmentami powtórzonymi o długości od kilkudziesięciu pz do kilkunastu kpz.

Nowe genomy i gatunki fagów

W swoich badaniach skupiłem się na wypełnieniu luk w wiedzy dotyczącej różnorodności fagów ogonkowych i poznaniu budowy ich genomów. Istotną częścią mojego osiągnięcia była charakterystyka dziewięciu różnorodnych genomów bakteriofagowych.

Pierwszy z badanych przeze mnie fagów zakaża *Bacillus pumilus*. Bakteria ta jest ruchliwą Gram-dodatnią laseczką zdolną do tworzenia endospor. Występuje powszechnie w glebie, produktach spożywczych, wodzie i wielu innych ekosystemach. Jest znana ze swojej wszędobylskości i odporności na niekorzystne warunki środowiska - izolowano ją nawet w strefach jałowych zakładów montażu statków kosmicznych NASA. Chociaż gatunek ten nie jest uważany za patogenny dla ludzi, obserwowano sporadyczne przypadki zmian skórnych i zatruc pokarmowych związanych z obecnością bakterii w organizmie, a niektóre izolaty mogą powodować choroby roślin^{1,2}. Wybrane szczepy znajdują zastosowanie w przemyśle jako źródło enzymów. W pracy „**The Discovery of phiAGATE, A Novel Phage Infecting *Bacillus pumilus*, Leads to New Insights into the Phylogeny of the Subfamily Spounavirinae**”^{Os1} wraz ze współautorami scharakteryzowałem morfologię, genom, proteom i cykl replikacyjny phiAGATE - nowego gatunku faga zakażającego *Bacillus pumilus*, wyizolowanego przeze mnie z osadów Jeziora Góreckiego, zlokalizowanego w Wielkopolskim Parku Narodowym. W relatywnie dużym (~145 kpz) genomie faga wykryłem obecność genów, których produkty mogą okazać się użyteczne w biotechnologii (np. hydrolazę poli- γ -glutaminianu rozkładającą polimer, który tworzy otoczki komórek wielu gatunków z rodzaju *Bacillus* i ułatwia ich adhezję do powierzchni³). Opisałem także zależności pomiędzy strukturą genomu, a biologią i ekologią phiAGATE. Odkrycia opisane w pracy ^{Os1} były efektem realizacji kierowanego przeze mnie grantu NCN PRELUDIUM, a część uzyskanych wyników została wykorzystana do przygotowania mojej pracy doktorskiej

Drugim z badanych przeze mnie bakteriofagów był fag phiD2B zakażający bakterię o nieustalonej przynależności gatunkowej z rodzaju *Lelliottia* wyizolowaną z osadów Jeziora

Góreckiego. Rodzaj *Lelliottia* został wydzielony w 2013 roku z rodzaju *Enterobacter* i skupia środowiskowe enterobakterie takie jak *L. amnigena*, *L. aquatilis*, *L. jeotgali*, *L. nimipressuralis* i *L. steviae*⁴. Mikroorganizmy te są izolowane z wody, produktów spożywczych i tkanek zakażonych roślin, u których mogą wywoływać objawy chorobowe. Nie są one zazwyczaj chorobotwórcze dla ssaków, choć odnotowano kilka przypadków infekcji u ludzi⁵. Podobnie jak w przypadku faga phiAGATE, moje badania doprowadziły do wyróżnienia nowego gatunku wirusa (pierwszego infekującego bakterie z rodzaju *Lelliottia*). Ponadto odkryłem, że gen kodujący terminazę tego wirusa jest podzielony przez autokatalityczny intron grupy I. Intryny takie są mobilnymi elementami, które kolonizują kluczowe geny związane z syntezą DNA i przebiegiem cyklu litycznego. Niektóre publikacje wskazują, że podobne sekwencje intronowe mogą pełnić funkcje regulatorowe⁶. Warto podkreślić, że obecność takiej sekwencji w genie kodującym ważne białko odpowiedzialne za składanie wirionów potomnych może mieć istotne konsekwencje dla biologii faga. Wyniki tych badań przedstawiłem w pracy „**Complete Genome Sequence of *Lelliottia* Podophage phD2B**”^{Os2}.

We współpracy z grupą badaczy bakteriofagów z Wydziału Nauk Medycznych Uniwersytetu w Leicester brałem udział w badaniach fagów *Clostridioides difficile*. Ta Gram-dodatnia beztlenowa bakteria (zwana do niedawna *Clostridium difficile*) jest częstą przyczyną infekcji związanych z długotrwałym stosowaniem antybiotyków, w tym bardzo niebezpiecznego rzekomobłoniastego zapalenia jelit. Rozprzestrzenianie się szczepów *C. difficile* opornych na antybiotyki zwróciło uwagę na możliwość zastosowania bakteriofagów w leczeniu infekcji wywołanych przez tę bakterię⁷. W pracy “**Two Novel Myoviruses from the North of Iraq Reveal Insights into *Clostridium difficile* Phage Diversity and Biology**”^{Os3} opisaliśmy fagi CDKM9 i CDKM15 - zdolne do lizogenii wirusy wyizolowane z prób pozyskanych w irackim Kurdystanie. Przeprowadzona przeze mnie analiza genomów wykazała, że bakteriofagi te mają wiele unikatowych cech. Najciekawszą z nich jest obecność w genomie CDKM15 locus CRISPR, które zawiera sekwencje łącznikowe (ang. *spacers*) przypominające fragmenty genomów innych wirusów zakażających *C. difficile*. Może to oznaczać, że integracja profaga CDKM15 chroni przed infekcjami spowodowanymi przez inne gatunki wirusów.

Kolejną parą analizowanych przeze mnie wirusów były fagi KNP i WRT. Zostały one wyizolowane przez młodych badaczy działających w ramach sekcji koła naukowego

którą miałem zaszczyt się opiekować, a także studentów biorących udział w programie izolacji bakteriofagów, który zapoczątkowałem na Wydziale Biologii UAM. Analiza genomów wykazała, że KNP i WRT są szczepami należącymi do tego samego, nieznanego wcześniej gatunku. Infekują one bakterie z grupy *Pseudomonas fluorescens* obejmującej mikroorganizmy występujące powszechnie w glebie, wodzie i wielu innych środowiskach⁸. Z jednej strony, bakterie te są znane ze swoich właściwości stymulujących wzrost roślin, a z drugiej, są zaangażowane w psucie się żywności. Genomy obydwu wirusów mają w przybliżeniu długość 40 kbp i podobną budowę. Różnią się jednak sekwencją regionu kodującego białko włókna ogonka, co może wskazywać na różny zakres gospodarzy. Obserwacje te zostały przedstawione w pracy „**Complete genome sequences of two novel autographiviruses infecting a bacterium from the *Pseudomonas fluorescens* group**”^{Os4}.

We współpracy z Laboratorium Biologii Molekularnej Bakteriofagów IIDT PAN we Wrocławiu zajmowałem się też charakterystyką dwóch fagów (nazwanych Str01 oraz Str03) zakażających paciorkowce z grupy A. Wyniki analizy ich genomów zawarte zostały w pracy „**Two novel temperate bacteriophages infecting *Streptococcus pyogenes*: Their genomes, morphology and stability**”^{Os5}. Bakterie będące gospodarzami tych fagów stanowią poważne obciążenie dla służby zdrowia. Należący do grupy A *Streptococcus pyogenes* może powodować zapalenie gardła, gorączkę reumatyczną, zapalenie kłębuszków nerkowych, infekcje skóry, martwicze zapalenie powięzi, a nawet zespół wstrząsu toksycznego⁹. Z drugiej strony, przedstawiciele rodzaju *Streptococcus* są częścią prawidłowego mikrobiomu skóry, jamy ustnej i przewodu pokarmowego człowieka¹⁰. Warto podkreślić, że u *Streptococcus* kluczowe czynniki, które wpływają na zdolność szczepu do wywoływania chorób, są przenoszone przez bakteriofagi¹¹. Analiza genomów fagów Str01 oraz Str03 wskazuje, że ich sekwencja jest efektem intensywnego transferu genów między fagami i profagami, co utrudnia zaklasyfikowanie ich do jakiegokolwiek znanej grupy taksonomicznej. Niemniej, budowa ich genomów jest typowa dla siphowirusów i ma wyraźną organizację modułową. Charakterystyczną cechą Str01 jest obecność dwóch genów kodujących różne białka zidentyfikowane jako holiny (transbłonowego polipeptydu pełniącego rolę „zegara molekularnego” rozpoczynającego proces uwalniania wirionów potomnych). Z kolei Str03 ma w swoim genomie kasetę toksyna-antytoksyna typu HicA/B, która może działać jak "moduł uzależnienia", ograniczając zdolność gospodarza do przetrwania po utracie profaga¹².

Ostatnim opisanym przeze mnie gatunkiem z klasy *Caudoviricetes* był bakteriofag Thurquoise - odległy krewniak faga phiAGATE (mojego pierwszego obiektu badawczego). Wirus ten zakaża *Bacillus thuringiensis*, a jego izolacji dokonał zespół profesora Marcina Łukaszewicza z Uniwersytetu Wrocławskiego. Genom Thurquoise, o długości ponad 157 kbp ma budowę typową dla rodzaju *Caeruleovirus*. Dogłębna analiza wykazała obecność charakterystycznych sekwencji powtórzonych będących prawdopodobnie miejscem rozcinań konkatamerów (długich nici zawierających wiele kopii genomu) do pojedynczych funkcjonalnych kopii. Fag został opisany w artykule „**Genome, biology and stability of the Thurquoise phage – A new virus from the *Bastillevirinae* subfamily**”^{Os6}.

W opisanych powyżej pracach skupiłem się na analizie i zrozumieniu struktury genomów wirusowych. W niniejszym tekście starałem się uniknąć nadmiernego zagłębiania się w techniczne szczegóły procesu badawczego oraz w drobiazgowo opisy konkretnych genów. Należy jednak podkreślić, że dla każdego z badanych fagów przeprowadziłem dokładną analizę danych sekwencyjnych i powiązań ewolucyjnych, krytycznie oceniając jakość informacji dostępnych w bazach danych oraz dokonując interpretacji struktury genomów. Przeprowadzenie tych badań było pracochłonne, jednak niezwykle satysfakcjonujące, stanowiąc rodzaj „śledztwa” mającego na celu wiarygodne wyjaśnienie sposobu funkcjonowania maszyneryi molekularnej wirusa. Proces ten wymagał kreatywnego wykorzystania technik biologii obliczeniowej, molekularnej i ewolucyjnej, a także genomiki.

Reorganizacja systematyki bakteriofagów

Z analiz poszczególnych genomów wyciągnąłem szersze wnioski dotyczące ewolucji i systematyki wirusów.

Już w pracy „**The Discovery of phiAGATE, A Novel Phage Infecting *Bacillus pumilus*, Leads to New Insights into the Phylogeny of the Subfamily *Spounavirinae***”^{Os1} zwróciłem uwagę, że obowiązująca do tej pory systematyka podrodziny *Spounavirinae* nie jest w stanie uchwycić różnorodności spokrewnionych wirusów i nie odzwierciedla najbardziej prawdopodobnego scenariusza ich filogenii. Wniosek ten była jednym z punktów wyjścia do badań opisanych w artykule „**Analysis of Spounaviruses as a Case Study for the Overdue Reclassification of Tailed Phages**”^{Os7}. W publikacji tej zaprezentowany został szereg dowodów na prawdziwość postawionej przeze mnie tezy. W konsekwencji, na miejsce dawnej podrodziny *Spounavirinae*, utworzona została nowa rodzina wirusów o

nazwie *Herelleviridae*, a także pięć nowych podrodzin i siedem nowych rodzajów. Prace te prowadziłem jako członek Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów (ICTV). Z kilkoma innymi członkami komitetu przygotowaliśmy także pracę opisującą strukturę, biologię i znaczenie rodziny *Herelleviridae*, zatytułowaną „**ICTV Virus Taxonomy Profile: Herelleviridae**”^{O8}. Wspomniane prace przyczyniły się do gruntownej reorganizacji systematyki bakteriofagów, dostosowującej tę dziedzinę do wymogów ery post-genomowej. Najważniejszym efektem wspomnianej reorganizacji była likwidacja polifiletycznych rodzin mających jedynie znaczenie historyczne (takich jak *Siphoviridae*, *Podoviridae* i *Myoviridae*) i zastąpienie ich rodzinami odpowiadającymi liniom ewolucyjnym podobnych genetycznie wirusów^{P25}. Kolejnym rezultatem było wyróżnienie dziesiątków nowych rodzajów i setek gatunków^{P17}. Brałem bezpośredni udział w podejmowaniu wielu z tych decyzji, a część z nich była inspirowana przedstawionymi powyżej pracami.

Ukoronowaniem mojej pracy było zaproszenie mnie do grona ekspertów, których zadaniem było jasne sformułowanie podstawowych zasad rządzących taksonomią wirusów. Efektem obrad tej grupy była deklaracja „**Four principles to establish a universal virus taxonomy**”^{O9} opisująca oficjalne stanowisko całego ICTV w sprawie podstawowych założeń i kierunków rozwoju systematyki wirusów.

Podsumowując moją działalność badawczą, za najważniejsze dokonania przedstawione w osiągnięciu naukowym uważam:

- I. Opisanie siedmiu nowych gatunków bakteriofagów: odkryłem unikatowe cechy nieznanymi wcześniej wirusów, opisałem nowe schematy organizacji genomu a także elementy genetyczne i ich potencjalne zastosowania.
- II. Postęp w taksonomii fagów - wyniki moich badań przyczyniły się do reorganizacji i modernizacji systematyki fagów ogonkowych, a w szczególności, do wyróżnienia rodziny *Herelleviridae*. Obecnie rodzina ta obejmuje 34 rodzaje i 92 gatunki.

d) Pozostałe osiągnięcia naukowe:

Poza moim głównym tematem badawczym dorobiłem się szeregu innych osiągnięć o tematyce niezwiązanej bezpośrednio z genomiką i filogenetyką fagów z rzędu *Caudoviricetes*. Osiągnięcia te pozwoliłem sobie skrótowo opisać w kolejnych podrozdziałach niniejszego wniosku.

Wykorzystanie metod genetyki bakteriofagów do projektowania algorytmów bioinformatycznych

W ostatniej dekadzie zgromadzono petabajty odczytów z sekwencjonowania metagenomów, a wśród sekwencji złożonych z tych danych zidentyfikowano niemal dziesięć milionów gatunków bakteriofagów. Niestety, nie wiemy jakie gatunki bakterii są infekowane przez większość z tych wirusów. Techniki laboratoryjne pozwalające na identyfikację gospodarzy są pracochłonne, długotrwałe i wymagają zazwyczaj hodowli mikroorganizmów w warunkach laboratoryjnych. W praktyce, uniemożliwia to identyfikację w przewidywalnej przyszłości większości par fag-gospodarz, gdyż liczba możliwych kombinacji sięga miliardów, a wielu mikroorganizmów nie da się obecnie hodować. Niemniej, znajomość zakresu gospodarzy jest konieczna do zrozumienia roli wirusów w ekosystemach i mikrobiomach. Co więcej, wiedza ta jest kluczem do zastosowania wirusów bakteryjnych w biotechnologii i terapii fagowej (metodzie zwalczania zakażeń bakteryjnych za pomocą bakteriofagów)¹³.

Problem identyfikacji gospodarzy wirusów wykrytych w danych metagenomowych można przynajmniej częściowo rozwiązać przez zastosowanie metod obliczeniowych do przewidywania interakcji na podstawie sekwencji genomów obydwu partnerów. Zadanie to jest jednak skomplikowane, ponieważ sekwencje bakteriofagów często nie są podobne do sekwencji ich gospodarzy, a łączące je zależności mogą być trudne do wychwycenia. Sprawia to, że metody przewidywania interakcji są wciąż bardzo zawodne.

Wraz z grupą kierowaną przez doktora Andrzeja Zielezińskiego brałem udział w opracowaniu programu Phirbo - innowacyjnego algorytmu przewidywania par fag-gospodarz. Zaproponowana metoda jest rozszerzeniem programu BLAST, który do chwili obecnej jest jednym z najlepszych algorytmów wykorzystywanych do typowania gospodarzy. Wyjątkową cechą proponowanej metody jest fakt, że znajduje ona powiązanie

między wirusem a bakterią pośrednio, korzystając z wyników przyrównania obydwu sekwencji do bazy danych zawierających genomy innych bakterii. Możliwość wystąpienia interakcji jest szacowana na podstawie podobieństwa list rankingowych najwyżej punktowanych trafień. Podejście takie poprawia jakość przewidywań typowania gospodarzy wirusów w przeprowadzonych testach. Dzięki temu program Phirbo okazał się skuteczniejszy od wiodących narzędzi wykorzystujących przyrównanie sekwencji (BLAST), analizę jej składu (WISH), a także opublikowanych w podobnym okresie programów wykorzystujących uczenie maszynowe (VirHostMatcher-Net, PHP). Co więcej, stworzony algorytm sprawdził się relatywnie dobrze w przypadku pofragmentowanych i niekompletnych sekwencji genomowych wirusów. Wyniki te zostały opisane w pracy **„Taxonomy-aware, sequence similarity ranking reliably predicts phage–host relationships”**^{P19}, w której uczestniczyłem w interpretacji biologicznego znaczenia wyników, dostosowaniu założeń algorytmu do specyfiki genomów bakteriofagowych i opisywaniu uzyskanych rezultatów.

Współpraca z grupą doktora Zielezińskiego zaowocowała także przygotowaniem serwisu internetowego PHD ([Phage and Host Daily](#)), który publikuje aktualne statystyki dotyczące znanych oddziaływań bakteriofagów i ich gospodarzy w kontekście obowiązującej taksonomii wirusów i bakterii. Serwis ten został opublikowany w pracy **„Daily Reports on Phage-Host Interactions”**^{P23}, w której zajmowałem się zagadnieniami związanymi z genomiką i taksonomią fagów, a także pomagałem przy projektowaniu niektórych rozwiązań interfejsu użytkownika i pisaniu manuskryptu.

W 2021 roku zostałem zaproszony do współpracy przez doktora Felipe Hernandez Coutinho z Uniwersytetu Miguela Hernández w Alicante (Hiszpania). Jej wynikiem jest publikacja **„RaFAH: Host prediction for viruses of Bacteria and Archaea based on protein content”**^{P18} opisująca program, który „uczy się” rozpoznawać gospodarzy na podstawie analizy rodzin białkowych występujących w genomach fagów. Program wykorzystuje szereg metod uczenia maszynowego, w tym algorytm losowego lasu (ang. *Random Forest* - RF) i ukryte modele Markowa (ang. *Hidden Markov Models* - HMMs). Metoda taka okazała się skutecznym sposobem przewidywania interakcji, szczególnie na wyższych poziomach taksonomicznych. Moją rolą w zespole RaFAH była pomoc w projektowaniu testów sprawdzających jakość przewidywań programu oraz interpretacji znaczenia biologicznego wyników.

Ponadto, wraz z mgr. Maciejem Michalczykiem (studentem realizującym pracę magisterską pod moją opieką) włączyliśmy się w badania doktora Roacha i profesora Edwardsa z Uniwersytetu w Adelajdzie (Australia) mające na celu ocenę jakości przewidywań różnych programów służących do wykrywania profagów (zintegrowanych genomów fagów łagodnych) w genomach bakterii. Nasz udział w implementacji części narzędzi zaowocował współautorstwem publikacji **“Philympics 2021: Prophage Predictions Perplex Programs”**^{P22}.

Podsumowując, w przedstawionych powyżej pracach pełniłem rolę eksperta od biologii bakteriofagów. Korzystając z doświadczenia zdobytego w obydwu dziedzinach występowałem jako „pośrednik” lub „tłumacz” pomiędzy społecznością wirusologów i bioinformatyków. Starłem się ułatwić porozumienie badaczy, których współpracę uważam za kluczową dla rozwoju mojej dyscypliny naukowej.

Badanie białek i peptydów o potencjalnym zastosowaniu medycznym

Poza genetyką i systematyką bakteriofagów interesuje mnie też wykorzystanie białek fagowych w praktyce, szczególnie w kontekście problemu oporności bakterii na antybiotyki. Chcąc zmierzyć się z tym problemem, opracowałem metodę izolacji enzybiotyków (czyli enzymów przeciwdrobnoustrojowych wytwarzanych przez fagi) bezpośrednio z metagenomów izolowanych ze środowiska. Serce zaproponowanej przeze mnie metody jest zestaw programów, który wykorzystuje dane z wysokoprzepustowego sekwencjonowania metagenomów do masowej identyfikacji enzymów o właściwościach bakteriobójczych. Projekt ten uzyskał finansowanie w formie grantu NCBR Lider „EcoZybiotics – innowacyjna metoda izolacji enzybiotyków dla weterynarii i biotechnologii”, którego celem jest wdrożenie zaprojektowanej procedury. Pilotażowe zastosowanie uproszczonej wersji mojej metody doprowadziło już do identyfikacji nowej endolizyny zabijającej bakterie z rodzaju *Rothia*. Izolacja i charakterystyka enzymu zostały opisane w pracy **„New Phage-Derived Antibacterial Enzyme PolaR Targeting *Rothia* spp”**^{P24}, przygotowanej razem z zespołem Biologii Molekularnej Bakteriofagów IIDT PAN, a jego zastosowanie w złożonym wspólnie **wniosku patentowym „Polipeptyd i jego zastosowanie jako środek bakteriobójczy wobec bakterii *Rothia* sp”**.

Warto podkreślić, że w dziedzinie proteomiki stosowanej moje zainteresowania nie ograniczają się do białek bakteriofagowych. Zajmowałem się także peptydami o

właściwościach przeciwdrobnoustrojowych i peptydami penetrującymi komórkę, co zaowocowało dwiema pracami przeglądowymi „**Plant antimicrobial peptides**”^{P4} oraz „**Viral and other cell-penetrating peptides as vectors of therapeutic agents in medicine**”^{P5}, które współtworzyłem wraz z zespołem Zakładu Wirusologii Molekularnej UAM.

Wykorzystanie metod transkryptomicznych i proteomicznych do badania mechanizmów obrony roślin

Razem z zespołem Zakładu Wirusologii Molekularnej UAM kierowanym przez prof. UAM dr hab. Roberta Nawrota prowadziłem także badania zmierzające do wyjaśnienia mechanizmów odporności roślin leczniczych na atak patogena. Efektem tych badań były dwie publikacje. W pierwszej z nich „**Combination of transcriptomic and proteomic approaches helps to unravel the protein composition of *Chelidonium majus* L. milky sap**”^{P10} wykorzystaliśmy synergię pomiędzy badaniami transkryptomicznymi i proteomicznymi, aby opisać proteom soku mlecznego glistnika jaskółcze ziele – ważnej rośliny zielarskiej stosowanej zarówno w medycynie konwencjonalnej, jak i tradycyjnej. Z kolei w artykule „**Characterization and expression of a novel thaumatin-like protein (CcTLP1) from papaveraceous plant *Corydalis cava***”^{P21} opisane zostało nowe białko taumatyno-podobne u innej rośliny zielarskiej – kokoryczy pustej. Białko to jest najprawdopodobniej związane z odpowiedzią rośliny na atak patogena, a w pracy opisana została jego identyfikacja, izolacja a także przewidywana struktura i ewolucja.

Badania nad odpowiedzią roślin na atak patogena prowadziłem również we współpracy z zespołem prof. Aleksandry Obrępałskiej-Stęplowskiej z Instytutu Ochrony Roślin PIB w Poznaniu. W pracy „**Effect of temperature on the pathogenesis, accumulation of viral and satellite RNAs and on plant proteome in peanut stunt virus and satellite RNA-infected plants**”^{P7} badaliśmy białka, których produkcja zmienia się w odpowiedzi na infekcję wirusem karłowatości orzecha ziemnego i jego satelitarnym RNA.

Moją rolą w opisanych powyżej badaniach były analizy bioinformatyczne, statystyczne oraz pomoc w interpretacji wyników i formułowaniu hipotez.

Badanie oddziaływań mikroorganizmów w ekosystemach słodkowodnych

Zawsze fascynowała mnie zależność między biologią bakteriofagów i strukturą ekosystemów, w których występują. Skłoniło mnie to do zaangażowania w badania z zakresu mikrobiologii środowiska. W pierwszej pracy dotyczącej tego tematu analizowałem ekosystem Jeziora Góreckiego, z którego wyizolowałem dwa pierwsze odkryte przeze mnie fagi. Badania opisane w pracy „**Phytoplankton, culturable bacteria and their relationships along environmental gradients in a stratified eutrophic lake**”^{P6} wykazały, że fitoplankton reaguje na gradienty ekologiczne takie jak temperatura, stężenie NH_4^+ i fosforu, natomiast dla bakterii heterotroficznych ważniejsze jest stężenie utlenionych form azotu i zagęszczenie populacji fitoplanktonu. Badania te były kolejnym krokiem w kierunku zrozumienia mikrobiologicznej sieci troficznej funkcjonującej w eutroficznych jeziorach, a moją rolą była molekularna i bioinformatyczna analiza składu gatunkowego bakterii heterotroficznych.

Podobną rolę pełniłem w pracy “**Cylindrospermopsin Biodegradation Abilities of *Aeromonas* sp. Isolated from Rusalka Lake**”^{P8}, w której udało się wyizolować i zidentyfikować bakterie zdolne do degradacji cylindrospermopsyny - silnej hepatotoksyny wytwarzanej przez cyjanobakterie.

Badania nad bakteriami zdolnymi do rozkładu toksyn sinicowych kontynuowałem w pracy “**Correlation between specific groups of heterotrophic bacteria and microcystin biodegradation in freshwater bodies of central Europe**”^{P16}, w której zastosowałem metody metagenomiczne do badania relacji między bakteriami heterotroficznymi a biodegradacją mikrocyliny w zbiornikach wodnych Wielkopolski. Badanie wykazało, że niektóre grupy bakterii heterotroficznych, takie jak *Aeromonas* i *Pseudomonas*, były zdolne do rozkładania mikrocyliny.

Opisane powyżej badania prowadziłem pod kierunkiem ekspertów z dziedziny hydrobiologii i biochemii sinic z Wydziałów Biologii UAM oraz Biochemii UJ.

Filogenetyka, filogenomika i biologia ewolucyjna organizmów eukariotycznych

Moje doświadczenie z zakresu filogenetyki, taksonomii i biologii ewolucyjnej okazało się użyteczne w projektach dotyczących organizmów eukariotycznych. Włączyłem się w prowadzone na Wydziale Biologii UAM badania ewolucji i genetyki populacyjnej mchów

(„**Molecular, morphological, and ecological differences between the terrestrial and aquatic forms of *Oxyrrhynchium speciosum* (Brid.) Warnst.(Brachytheciaceae)**”^{P3}) oraz roślin nagonasiennych („**Characterization of the complete chloroplast genome of *Pinus uliginosa* (Neumann) from the *Pinus mugo* complex**”^{P13}). Z kolei współpraca z zespołem fizjologii zwierząt zaowocowała pracą przeglądową „**Uncoupling proteins of invertebrates: A review**”^{P11}, w której omawiana była ważna rodzina białek zaangażowanych w funkcjonowanie mitochondriów zwierząt.

W każdej ze wspomnianych powyżej prac, moim wkładem była analiza różnorodności i ewolucji tych białek, genów i genomów a także interpretacja uzyskanych w ten sposób danych w kontekście taksonomii i biologii molekularnej badanych organizmów.

Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej

- W 2021 roku podjąłem współpracę z zespołem doktora [Roacha](#) i profesora [Edwardsa](#) z Akceleratora do spraw Eksploracji Mikrobiomu Uniwersytetu Flindersa w Adelajdzie (Australia). Nasza wspólna praca miała na celu ocenę jakości przewidywań różnych programów służących do wykrywania profagów w genomach bakterii, co zaowocowało publikacją ^{P22}.
- W 2017 roku odbyłem 3-miesięczny staż w Zespole Metagenomiki Uniwersytetu w Utrechcie (Królestwo Niderlandów). Staż ten zapoczątkował wieloletnią współpracę z kierownikiem tego zespołu prof. [Basem E. Dutilhem](#), która jest kontynuowana również po przenosinach profesora do Europejskiego Centrum Bioinformatyki Wirusów na Uniwersytecie Friedricha Schillera w Jenie (Niemcy). Efektem współpracy jest szereg artykułów [Os7,Os9,P9,P12,P14,P17,P18,P20,P25](#) dotyczących metagenomiki, nowych metod bioinformatycznych i systematyki wirusów.
- W 2015 roku odbyłem miesięczny staż badawczy w Katedrze Infekcji, Odporności i Stanu Zapalnego, Wydziału Nauk Medycznych, Uniwersytetu w Leicester (Zjednoczone Królestwo Wielkiej Brytanii i Irlandii Północnej). Podczas tego wyjazdu prowadziłem pod kierunkiem prof. [Marthy R.J. Clokie](#) prace nad bakteriofagami *Clostridioides*, które zostały opisane w publikacjach ^{Os3,P15}.

- W 2015 roku odbyłem 2-miesięczny staż badawczy w Instytucie Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN im. Ludwika Hirszfelda we Wrocławiu. Podczas tego wyjazdu prowadziłem pod kierunkiem prof. [Krystyny Dąbrowskiej](#) prace nad bakteriofagami *Streptococcus*, które zakończyły się publikacją [Os5](#), a późniejsze rozszerzenie współpracy na badania dotyczące identyfikacji i produkcji endolizyn zaowocowały artykułem [P24](#) oraz zgłoszeniem patentowym.
- W roku 2014 prof. [Andrew M. Kropinski](#) (ówczesny przewodniczący Podkomisji do Spraw Wirusów Bakterii i Archeonów) zaprosił mnie do udziału w pracach Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów (ICTV). W ramach Komitetu prowadziłem prace zmierzające do reorganizacji systematyki wirusów bakteryjnych opisane w artykułach [Os7,Os8,Os9](#). Jako kierownik grup badawczych wirusów *Bacillus* i wirusów z rodziny *Herelleviridae* byłem także współautorem dorocznych raportów Podkomisji do Spraw Wirusów Bakterii i Archeonów [P9,P12,P14,P17,P20,P25](#).
- Od 2021 roku współpracuję z zespołem doktora [Felipe Hernandesa Coutinho](#) oraz prof. [Francisco Rodrigueza-Valery](#) z Zakładu Produkcji Roślinnej i Mikrobiologii z Uniwersytetu Miguela Hernández w Alicante (Hiszpania). W wyniku tej współpracy powstała publikacja [P18](#), w której opisaliśmy RaFAH - nowy program wykorzystujący uczenie maszynowe do przewidywania interakcji wirusów i ich gospodarzy.
- W 2021 roku za pośrednictwem profesora Mikołaja Kokocińskiego z UAM nawiązałem współpracę prof. [Dariuszem Dziga](#) z Pracowni Metabolomiki Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie. Nasze wspólne badania dotyczą bakterii zdolnych do rozkładu toksyn sinicowych. Wyniki tej współpracy opisano w pracach [P8,P16](#)

Podsumowanie współpracy z ośrodkami krajowymi i międzynarodowymi przedstawiono w tabeli 1.

Tabela 1. Aktywność naukowa wnioskodawcy realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej

	współpraca krajowa	współpraca międzynarodowa
prace w osiągnięciu	2	4

prace ogółem	6	13
wyjazdy naukowe	1	2
czas trwania wyjazdów w miesiącach	2	4

Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę

Osiągnięcia dydaktyczne

- Od 2019 roku jestem promotorem pomocniczym pracy doktorskiej magister Sophii Bałdysz pod tytułem „Nowa metoda identyfikacji bakteriofagowych białek litycznych oddziałujących ze ścianą komórkową bakterii”.
- Byłem promotorem 14 prac licencjackich i 9 magisterskich. Staram się angażować studentów w prace badawcze, dzięki temu dwoje z nich zostało współautorami publikacji naukowych.
- Byłem recenzentem 12 prac licencjackich i 6 magisterskich.
- Sprawowałem rolę opiekuna w projektach „Studenckie koła naukowe tworzą innowacje” Ministerstwa Edukacji i Nauki oraz grantach “Study@research” oraz “BESTStudentGRANT” finansowanych ze środków programu „Inicjatywa doskonałości – uczelnia badawcza” (ID-UB) przyznanych UAM.
- W latach 2012-2023 byłem opiekunem naukowym Sekcji Wirusologii i Biotechnologii Molekularnej Koła Naukowego Przyrodników UAM.
- Jestem autorem 4 rozdziałów podręcznika akademickiego “Wirusologia” pod red. prof. dr hab. Anny Goździckiej-Józefiak (wyd. I 2019 r., wyd. II 2022 r.) i współautorem rozdziału “Wykorzystanie wirusów w biotechnologii, biologii molekularnej i inżynierii genetycznej” oraz aneksu “Taksonomia wirusów i subwirusowych czynników zakaźnych”
- Od rozpoczęcia studiów doktorskich prowadzę zajęcia związane z wirusologią dla studentów kierunków biologia, biotechnologia i bioinformatyka na Wydziale Biologii UAM. Od momentu zatrudnienia na pełen etat (2013 rok) realizuję roczne

pensum wynoszące 210 godzin dydaktycznych. Wyszczególnienie przedmiotów z podziałem na pełnioną funkcję oraz lata akademickie znajduje się w poniższej tabeli:

nazwa przedmiotu	sprawowana funkcja	rok akademicki
Metagenomika	koordynator wykładowca prowadzący ćwiczenia	2022/23
Wirusologia (kierunek bioinformatyka)	koordynator wykładowca prowadzący ćwiczenia	2022/23
Principles of medical virology	współprowadzący ćwiczenia	2020-2023
Wirusy w środowisku: praktyczny kurs poszukiwania i identyfikacji bakteriofagów	koordynator prowadzący ćwiczenia	2017-2023
Mikrobiologia i wirusologia	współprowadzący ćwiczenia	2016/17
Viruses and Environment	koordynator wykładowca prowadzący ćwiczenia	2013-2014
Mikrobiologia przemysłowa	współprowadzący ćwiczenia	2011/12, 2014-2016
Wirusologia (kierunek biologia/biotechnologia)	współprowadzący ćwiczenia	2012-2023

Osiągnięcia organizacyjne

- Kierowałem projektami:
 - NCBR LIDER nr 5/0023/L-10/18/NCBR/2019
“EcoZybiotics – innowacyjna metoda izolacji enzybiotyków dla weterynarii i biotechnologii” (2019-2023, 1 430 000 zł)
 - NCN SONATA nr 2016/23/D/NZ2/00435
“Mechanizmy ekspresji genów u fagów z grupy Bastille kluczem do ich potencjalnych zastosowań” (2017-2022, 658 850 zł)

- NCN PRELUDIUM nr 2011/01/N/NZ9/00760
“Biologia nowo odkrytego bakteriofaga phiAGATE i jego rola w ekosystemie jeziora eutroficznego” (2016-2020, 149 800 zł)
- CEDROB “Wspieramy rozwój”
“Bakteriofagi dla bezpiecznej żywności” (2017, 20 000 zł, grant CSR finansowany przez firmę prywatną)
- Od 2014 jestem członkiem Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów (ICTV). W latach 2014-2019 pełniłem rolę kierownika grupy badawczej wirusów Bacillus, od 2019 roku kieruję grupą badawczą do spraw wirusów z rodziny Herelleviridae.
- W roku 2021 brałem udział w pracach Zespołu ds. opracowania programu dla kierunku Bioinformatyka, który funkcjonuje na Wydziale Biologii od roku 2022.
- W latach 2018-2019 organizowałem wizyty edukacyjne w niemieckich firmach biotechnologicznych i centrach współpracy naukowo-przemysłowej dla studentów UAM w ramach programu NCBR POWR.03.01.00-00-K388 / 16.
- W latach 2016-2019 byłem przedstawicielem pracowników naukowych nieposiadających stopnia doktora habilitowanego w radzie Instytutu Biologii Eksperymentalnej.
- W roku 2018 współorganizowałem we Wrocławiu konferencję “Viruses of Microbes” (EMBO).

Osiągnięcia popularyzujące naukę

- Współorganizowałem warsztaty dla uczniów liceum i szkół podstawowych w ramach projektu: “PAFSE - Partnerships for science education” finansowanym ze środków programu Horizon 2020 (SEP-210673304, koordynator prof. UAM dr hab. Eliza Rybska).
- Udzieliłem wywiadu do numeru 4/2020 „Życia Uniwersyteckiego” pt. „Nasi eksperci o koronawirusie” (Nawrot R, Barylski J, Broniarczyk J).

- Udzieliłem wywiadu do numeru 06/2020 pisma „Merkuriusz” pt. „O nowym wirusie, fikcji Koontza i niejednoznacznych scenariuszach...” (Nawrot R, Barylski J, Broniarczyk J).
- Udzieliłem wywiadu promującego rezultaty realizacji projektu pt. “Czy enzybiotyki zastąpią antybiotyki?” opublikowanego na portalu “Rzecz O Innowacjach” (<https://rzecz.pl/czy-enzybiotyki-zastapia-antybiotyki> 2020).
- W roku 2020 brałem udział w przygotowaniu wydarzenia popularnonaukowego „Noc Biologów”.
- W latach 2016-2018 prowadziłem wykłady i ćwiczenia promujące Wirusologię dla uczniów klas patronackich podczas „Dni Akademickich” na Wydziale Biologii UAM.
- W roku 2016 i 2018 brałem udział w przygotowaniu wydarzenia popularnonaukowego „Noc Naukowców”.
- W roku 2016 brałem udział w przygotowaniu XIX Poznańskiego festiwalu Nauki i Sztuki.
- Pełniłem rolę konsultanta naukowego wystawy „Pandemia” Aleksandry Ska w Galerii Sztuki Piekary w Poznaniu (2015).

Inne ważne informacje dotyczące kariery zawodowej

Wnioski patentowe i współpraca z otoczeniem społeczno-gospodarczym

- Jestem współautorem wniosku patentowego „Polipeptyd i jego zastosowanie jako środek bakteriobójczy wobec bakterii *Rothia* sp” (P.445254) wraz z zespołem pracowni Samodzielnego Laboratorium Bakteriofagowego IITD PAN we Wrocławiu.
- Współtworzyłem ekspertyzę II/1915-1/07/2020/2020; “Wykonanie badań eksperckich i przeprowadzenie testów laboratoryjnych polegających na walidacji wyników działania narzędzia in silico Camino” dla Camino Science Sp. z o.o.
- Współtworzyłem ekspertyzę JG-171/2022-UCITT; “Wykonanie badań eksperckich i przeprowadzenie analizy do identyfikacji sekwencji potencjalnie kodujących białka lityczne pochodzenia bakteriofagowego i bakteryjnego w materiale pochodzącym z

sekwencjonowania metodą NGS prób metagenomowych pozyskiwanych z bioptatów pobieranych od pacjentów (do 200 prób) oraz we wskazanych przez Zamawiającego bazach danych genomowych” praca wykonana dla IITD PAN we Wrocławiu.

Kursy kształcenie i rozwój umiejętności:

- Ukończyłem kursy:
 - Tworzenie biologicznych baz danych i stron internetowych (ideas4biology, 2017)
 - Bioinformatyczne aspekty analiz metagenomicznych (ideas4biology, 2014)
 - Prokaryota i wirusy – nowoczesna analiza danych (ideas4biology, 2014)
 - Podstawy bioinformatyki strukturalnej (VitaInSilica, 2011)
- Uczestniczyłem w warsztatach:
 - "Annotation Workshop" (analiza genomów fagowych, IITD PAN, 2015)
 - “Praktyczne aspekty spektrometrii mas” (PTSM, 2014)

Międzynarodowe i krajowe nagrody za działalność naukową

Po uzyskaniu stopnia doktora

- Nagroda zespołowa III stopnia Rektora UAM za osiągnięcia w pracy dydaktycznej, 2022
- Laureat Polskiej Nagrody Inteligentnego Rozwoju 2020 w kategorii “Naukowiec przyszłości”
- Nagroda Ministra Edukacji i Nauki za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności dydaktycznej dla zespołu: dr Jakub Barylski, dr hab. Justyna Broniarczyk, prof. Julia Durzyńska, prof. Anna Goździcka-Józefiak, prof. Robert Nawrot, prof. Elżbieta Poręba, dr Alicja Warowicka za przygotowanie podręcznika akademickiego “Wirusologia” pod red. prof. dr hab. Anny Goździckiej-Józefiak - 2020 r.
- Stypendium ID-UB Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu w Priorytetowym Obszarze Badawczym 2 (POB 2), Zadanie 09 – Wsparcie Najbardziej produktywnej naukowo młodej kadry, 11.2020 r.

- Zespołowa Nagroda III stopnia Rektora Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu za osiągnięcia naukowe w latach 2014, 2015, 2017
- Nagroda główna za plakat "Φalys1 nowy enzybiotyki z faga phiAGATE" na III Konferencji Wydziału Biologii UAM 2014.
- Nagroda Prezydenta Miasta Poznania za wyróżniającą się pracę doktorską pt. „Charakterystyka nowo odkrytego bakteriofaga ΦAGATE wyizolowanego z wody i osadów Jeziora Góreckiego” 2013

Przed uzyskaniem stopnia doktora

- Laureat konkursu na najlepszy pomysł biznesowy, Konferencja: Bioinnowacje Biotechnologia & Biznes, Gdańsk-Gdynia 2010.

Dane naukometryczne

	wg. roku publikacji:	5-letni (2022)	wg. listy z roku 2023
Sumaryczny Impact Factor	113,4	139,8	129,9
Sumaryczna liczba punktów MEiN (2023):	2033*	n.d.	3370
Według bazy:	WoS	Scopus	Scholar
Liczba indeksowanych publikacji:	35	33	39
Indeks Hirscha:	17	17	18
Liczba cytowań:	980	1046	1585
- bez autocytowań	954	n.d.	n.d.
Wniosek patentowy	1		

(*) metryka zawiera publikacje oceniane sprzed zmiany zakresu punktów w 2017 r.

Bibliografia

- P1. Nawrot R, **Barylski J**, Tomaszewski Ł, Jerzak L, Goździcka-Józefiak A, Jędrzejewski S, Tryjanowski P. Identification of Bacterial Species in White Stork Chicks in Poland Using PCR Method and Sequencing of Bacterial 16SrRNA. Polish Journal of Environmental Studies. 2009;18(2). doi: -

- P2. Nawrot R, **Barylski J**, Schulze WX. Incorrectly annotated keratin derived peptide sequences lead to misleading MS/MS data interpretation. *Journal of proteomics*. 2013;91:270-273. doi:[10.1016/j.jprot.2013.07.009](https://doi.org/10.1016/j.jprot.2013.07.009)
- P3. Gąbka M, Rusińska A, **Barylski J**. Molecular, morphological, and ecological differences between the terrestrial and aquatic forms of *Oxyrrhynchium speciosum* (Brid.) Warnst.(Brachytheciaceae). *Journal of Bryology*. 2014;36(3):180-190. doi:[10.1179/1743282014Y.0000000101](https://doi.org/10.1179/1743282014Y.0000000101)
- P4. Nawrot R, **Barylski J**, Nowicki G, Broniarczyk J, Buchwald W, Goździcka-Józefiak A. Plant antimicrobial peptides. *Folia microbiologica*. 2014;59:181-196. doi:[10.1007/s12223-013-0280-4](https://doi.org/10.1007/s12223-013-0280-4)
- P5. Durzyńska J, Przysiecka Łucja, Nawrot R, **Barylski J**, Nowicki G, Warowicka A, Musidlak O, Goździcka-Józefiak A. Viral and other cell-penetrating peptides as vectors of therapeutic agents in medicine. *Journal of Pharmacology and Experimental Therapeutics*. 2015;354(1):32-42. doi:[10.1124/jpet.115.223305](https://doi.org/10.1124/jpet.115.223305)
- P6. Messyasz B, Gabka M, **Barylski J**, Nowicki G, Lamentowicz L, Goździcka-Józefiak A, Rybak A, Dondajewska R, Burchardt L. Phytoplankton, culturable bacteria and their relationships along environmental gradients in a stratified eutrophic lake. *Carpathian Journal of Earth and Environmental Sciences*. 2015;10(1):41-52. doi: -
- P7. Obrepalska-Stęplowska A, Renaut J, Planchon S, Przybylska A, Wieczorek P, **Barylski J**, Palukaitis P. Effect of temperature on the pathogenesis, accumulation of viral and satellite RNAs and on plant proteome in peanut stunt virus and satellite RNA-infected plants. *Frontiers in Plant Science*. 2015;6:903. doi:[10.3389/fpls.2015.00903](https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00903)
- P8. Dziga D, Kokocinski M, Maksylewicz A, Czaja-Prokop U, **Barylski J**. Cylindrospermopsin biodegradation abilities of *Aeromonas* sp. isolated from Rusalka Lake. *Toxins*. 2016;8(3):55. doi:[10.3390/toxins8030055](https://doi.org/10.3390/toxins8030055)
- P9. Krupovic M, Dutilh BE, Adriaenssens EM, Wittmann J, Vogensen FK, Sullivan MB, Rumnieks J, Prangishvili D, Lavigne R, Kropinski AM. Taxonomy of prokaryotic viruses: update from the ICTV bacterial and archaeal viruses subcommittee. *Archives of virology*. 2016;161(4):1095-1099. doi:[10.1007/s00705-015-2728-0](https://doi.org/10.1007/s00705-015-2728-0)
- P10. Nawrot R, **Barylski J**, Lippmann R, Altschmied L, Mock HP. Combination of transcriptomic and proteomic approaches helps to unravel the protein composition of *Chelidonium majus* L. milky sap. *Planta*. 2016;244:1055-1064. doi:[10.1007/s00425-016-2566-7](https://doi.org/10.1007/s00425-016-2566-7)
- P11. Slocinska M, **Barylski J**, Jarmuszkiewicz W. Uncoupling proteins of invertebrates: A review. *IUBMB life*. 2016;68(9):691-699. doi:[10.1002/iub.1535](https://doi.org/10.1002/iub.1535)
- P12. Adriaenssens EM, Krupovic M, Knezevic P, Ackermann HW, **Barylski J**, Brister JR, Clokie MR, Duffy S, Dutilh BE, Edwards RA. Taxonomy of prokaryotic viruses:

- 2016 update from the ICTV bacterial and archaeal viruses subcommittee. Archives of virology. 2017;162(4):1153-1157. doi:[10.1007/s00705-016-3173-4](https://doi.org/10.1007/s00705-016-3173-4)
- P13. Celiński K, Kijak H, **Barylski J**, Grabsztunowicz M, Wojnicka-Póttorak A, Chudzińska E. Characterization of the complete chloroplast genome of *Pinus uliginosa* (Neumann) from the *Pinus mugo* complex. Conservation Genetics Resources. 2017;9:209-212. doi:[10.1007/s12686-016-0652-6](https://doi.org/10.1007/s12686-016-0652-6)
- P14. Adriaenssens EM, Wittmann J, Kuhn JH, Turner D, Sullivan MB, Dutilh BE, Jang HB, van Zyl LJ, Klumpp J, Lobočka M. Taxonomy of prokaryotic viruses: 2017 update from the ICTV Bacterial and Archaeal Viruses Subcommittee. Archives of virology. 2018;163(4):1125-1129. doi:[10.1007/s00705-018-3723-z](https://doi.org/10.1007/s00705-018-3723-z)
- P15. Shan J, Ramachandran A, Thanki AM, Vukusic FB, **Barylski J**, Clokie MR. Bacteriophages are more virulent to bacteria with human cells than they are in bacterial culture; insights from HT-29 cells. Scientific reports. 2018;8(1):5091. doi:[10.1038/s41598-018-23418-y](https://doi.org/10.1038/s41598-018-23418-y)
- P16. Dziga D, Kokociński M, **Barylski J**, Nowicki G, Maksylewicz A, Antosiak A, Banas AK, Strzałka W. Correlation between specific groups of heterotrophic bacteria and microcystin biodegradation in freshwater bodies of central Europe. FEMS Microbiology Ecology. 2019;95(11):fiz162. doi:[10.1093/femsec/fiz162](https://doi.org/10.1093/femsec/fiz162)
- P17. Adriaenssens EM, Sullivan MB, Knezevic P, van Zyl LJ, Sarkar BL, Dutilh BE, Alfenas-Zerbini P, Lobočka M, Tong Y, Brister JR, Moreno Switt AI, Klumpp J, Aziz RK, **Barylski J**, Uchiyama J, Edwards RA, Kropinski AM, Petty NK, Clokie MRJ, Kushkina AI, Morozova VV, Duffy S, Gillis A, Rumnieks J, Kurtböke I, Chanishvili N, Goodridge L, Wittmann J, Lavigne R, Jang HB, Prangishvili D, Enault F, Turner D, Poranen MM, Oksanen HM, Krupovic M. Taxonomy of prokaryotic viruses: 2018-2019 update from the ICTV Bacterial and Archaeal Viruses Subcommittee. Archives of virology. 2020;165(5):1253-1260. doi:[10.1007/s00705-020-04577-8](https://doi.org/10.1007/s00705-020-04577-8)
- P18. Coutinho FH, Zaragoza-Solas A, López-Pérez M, **Barylski J**, Zielezinski A, Dutilh BE, Edwards R, Rodriguez-Valera F. RaFAH: Host prediction for viruses of Bacteria and Archaea based on protein content. Patterns. 2021;2(7) doi:[10.1016/j.patter.2021.100274](https://doi.org/10.1016/j.patter.2021.100274)
- P19. Zielezinski A, **Barylski J**, Karlowski WM. Taxonomy-aware, sequence similarity ranking reliably predicts phage–host relationships. BMC Biol. 2021;19(1):223. doi:[10.1186/s12915-021-01146-6](https://doi.org/10.1186/s12915-021-01146-6)
- P20. Krupovic M, Turner D, Morozova V, Dyall-Smith M, Oksanen HM, Edwards R, Dutilh BE, Lehman SM, Reyes A, Baquero DP, Sullivan MB, Uchiyama J, Nakavuma J, **Barylski J**, Young MJ, Du S, Alfenas-Zerbini P, Kushkina A, Kropinski AM, Kurtböke I, Brister JR, Lood C, Sarkar BL, Yigang T, Liu Y, Huang L, Wittmann J, Chanishvili N, van Zyl LJ, Rumnieks J, Mochizuki T, Jalasvuori M, Aziz RK, Lobočka M, Stedman KM, Shkoporov AN, Gillis A, Peng X, Enault F, Knezevic P, Lavigne R, Rhee SK, Cvirkaite-Krupovic V, Moraru C, Moreno Switt AI, Poranen MM, Millard A, Prangishvili D, Adriaenssens EM. Bacterial Viruses Subcommittee

- and Archaeal Viruses Subcommittee of the ICTV: update of taxonomy changes in 2021. *Archives of virology* 2021;166(11):3239-3244. doi:[10.1007/s00705-021-05205-9](https://doi.org/10.1007/s00705-021-05205-9)
- P21. Nawrot R, Musidlak O, **Barylski J**, Nowicki G, Bałdysz S, Czerwoniec A, Goździcka-Józefiak A. Characterization and expression of a novel thaumatin-like protein (CcTLP1) from papaveraceous plant *Corydalis cava*. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2021;189:678-689. doi:[10.1016/j.ijbiomac.2021.08.067](https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2021.08.067)
- P22. Roach MJ, McNair K, Michalczyk M, Giles SK, Inglis LK, Pargin E, **Barylski J**, Roux S, Decewicz P, Edwards RA. Philympics 2021: Prophage Predictions Perplex Programs. Published online April 8, 2022. [version 2]. doi:[10.12688/f1000research.54449](https://doi.org/10.12688/f1000research.54449)
- P23. Albrycht K, Rynkiewicz AA, Harasymczuk M, **Barylski J**, Zielezinski A. Daily Reports on Phage-Host Interactions. *Frontiers in Microbiology*. 2022;13. Accessed September 7, 2023. doi:[10.3389/fmicb.2022.946070](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.946070)
- P24. Miernikiewicz P, **Barylski J**, Wilczak A, Dragoš A, Rybicka I, Bałdysz S, Szymczak A, Dogsa I, Rokush K, Harhala MA, Ciekot J, Ferenc S, Gnus J, Witkiewicz W, Dąbrowska K. New Phage-Derived Antibacterial Enzyme PolaR Targeting *Rothia* spp. *Cells*. 2023;12(15):1997. doi:[10.3390/cells12151997](https://doi.org/10.3390/cells12151997)
- P25. Turner D, Shkoporov AN, Lood C, Millard AD, Dutilh BE, Alfenas-Zerbini P, van Zyl LJ, Aziz RK, Oksanen HM, Poranen MM, Kropinski AM, **Barylski J**, Brister JR, Chanisvili N, Edwards RA, Enault F, Gillis A, Knezevic P, Krupovic M, Kurtböke I, Kushkina A, Lavigne R, Lehman S, Lobočka M, Moraru C, Moreno Switt A, Morozova V, Nakavuma J, Reyes Muñoz A, Rūmnieks J, Sarkar B, Sullivan MB, Uchiyama J, Wittmann J, Yigang T, Adriaenssens EM. Abolishment of morphology-based taxa and change to binomial species names: 2022 taxonomy update of the ICTV bacterial viruses subcommittee. *Archives of virology* 2023;168(2):74. doi:[10.1007/s00705-022-05694-2](https://doi.org/10.1007/s00705-022-05694-2)
1. Husni AAA, Ismail SI, Jaafar NMd, Zulperi D. Current Classification of the *Bacillus pumilus* Group Species, the Rubber-Pathogenic Bacteria Causing Trunk Bulges Disease in Malaysia as Assessed by MLSA and Multi rep-PCR Approaches. *Plant Pathol J*. 2021;37(3):243-257. doi:10.5423/PPJ.OA.02.2021.0017
 2. Branquinho R, Meirinhos-Soares L, Carriço JA, Pintado M, Peixe LV. Phylogenetic and clonality analysis of *Bacillus pumilus* isolates uncovered a highly heterogeneous population of different closely related species and clones. *FEMS Microbiology Ecology*. 2014;90(3):689-698. doi:10.1111/1574-6941.12426
 3. Luo Z, Guo Y, Liu J, Qiu H, Zhao M, Zou W, Li S. Microbial synthesis of poly- γ -glutamic acid: current progress, challenges, and future perspectives. *Biotechnology for Biofuels*. 2016;9(1):134. doi:10.1186/s13068-016-0537-7
 4. Scheld WM, Hughes JM, Whitley RJ. *Emerging Infections 10*. John Wiley & Sons; 2020.

5. El Zowalaty ME, Falgenhauer L, Forsythe S, Helmy YA. Draft genome sequences of rare *Lelliottia nimipressuralis* strain MEZLN61 and two *Enterobacter kobei* strains MEZEK193 and MEZEK194 carrying mobile colistin resistance gene *mcr-9* isolated from wastewater in South Africa. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*. 2023;33:231-237. doi:10.1016/j.jgar.2023.03.007
6. Belfort M. Mobile self-splicing introns and inteins as environmental sensors. *Current Opinion in Microbiology*. 2017;38:51-58. doi:10.1016/j.mib.2017.04.003
7. Nale JY, Thanki AM, Rashid SJ, Shan J, Vinner GK, Dowah ASA, Cheng JKJ, Sicheritz-Pontén T, Clokie MRJ. Diversity, Dynamics and Therapeutic Application of *Clostridioides difficile* Bacteriophages. *Viruses*. 2022;14(12):2772. doi:10.3390/v14122772
8. Garrido-Sanz D, Arrebola E, Martínez-Granero F, García-Méndez S, Muriel C, Blanco-Romero E, Martín M, Rivilla R, Redondo-Nieto M. Classification of Isolates from the *Pseudomonas fluorescens* Complex into Phylogenomic Groups Based in Group-Specific Markers. *Frontiers in Microbiology*. 2017;8. Accessed September 16, 2023. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2017.00413>
9. Carapetis JR, Steer AC, Mulholland EK, Weber M. The global burden of group A streptococcal diseases. *The Lancet Infectious Diseases*. 2005;5(11):685-694. doi:10.1016/S1473-3099(05)70267-X
10. Severn MM, Horswill AR. *Staphylococcus epidermidis* and its dual lifestyle in skin health and infection. *Nat Rev Microbiol*. 2023;21(2):97-111. doi:10.1038/s41579-022-00780-3
11. McShan WM, McCullor KA, Nguyen SV. The Bacteriophages of *Streptococcus pyogenes*. *Microbiology Spectrum*. 2019;7(3):10.1128/microbiolspec.gpp3-0059-2018. doi:10.1128/microbiolspec.gpp3-0059-2018
12. Fraikin N, Goormaghtigh F, Van Melderen L. Type II Toxin-Antitoxin Systems: Evolution and Revolutions. *Journal of Bacteriology*. 2020;202(7):10.1128/jb.00763-19. doi:10.1128/jb.00763-19
13. Versoza CJ, Pfeifer SP. Computational Prediction of Bacteriophage Host Ranges. *Microorganisms*. 2022;10(1):149. doi:10.3390/microorganisms10010149