

Załącznik 3

dr Jakub Barylski

Wykaz

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

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Wydział Biologii

Zakład Wirusologii Molekularnej

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

Cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy

1. Tytuł osiągnięcia naukowego:

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

2. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego:

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

WKŁAD HABILITANTA: wiodący udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu oraz jego pisaniu i edycji, udział w badaniu biologii bakteriofaga, złożenie, analiza strukturalna i funkcjonalna oraz adnotacja sekwencji genomu fagowego, analiza filogenetyczna, taksonomiczna i porównawcza.

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

WKŁAD HABILITANTA: udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu

oraz jego pisaniu i edycji, złożenie, analiza strukturalna i funkcjonalna oraz adnotacja sekwencji genomu fagowego, analiza filogenetyczna, taksonomiczna i porównawcza.

- 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

WKŁAD HABILITANTA: udział w pisaniu i edycji manuskryptu, analiza strukturalna i funkcjonalna oraz adnotacja sekwencji genomu fagowego, analiza sekwencji powtórzonych metodą PCR (weryfikacja sekwencji uzyskanej metodami *in silico*), analiza filogenetyczna, taksonomiczna i porównawcza.

- 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

WKŁAD HABILITANTA: udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu oraz jego pisaniu i edycji, analiza strukturalna i funkcjonalna oraz adnotacja sekwencji genomu fagowego, analiza filogenetyczna, taksonomiczna i porównawcza.

- 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

WKŁAD HABILITANTA: udział w pisaniu i edycji manuskryptu, złożenie, analiza strukturalna i funkcjonalna oraz adnotacja sekwencji genomu fagowego, analiza sekwencji powtórzonych metodą PCR (weryfikacja sekwencji uzyskanej metodami *in silico*), analiza filogenetyczna, taksonomiczna i porównawcza.

- 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/fmicb.2023.1120147](https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1120147)
IF 5.2|6.2|5.2 ; MEiN 100|140; Cyt. 0

WKŁAD HABILITANTA: udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu, złożenie, analiza strukturalna i funkcjonalna oraz adnotacja sekwencji genomu fagowego, analiza filogenetyczna, taksonomiczna i porównawcza

- 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

WKŁAD HABILITANTA: wiodący udział w opracowaniu koncepcji badań i planu manuskryptu (wraz z dr Adriaenssens), wykonanie istotnej części analiz bioinformatycznych, udział w interpretacji wyników

- 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

WKŁAD HABILITANTA: wiodący udział w planowaniu i pisaniu pracy przeglądowej (formalnego opisu nowej rodziny bakteriofagów)

- 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. 24

WKŁAD HABILITANTA: współudział w ustalaniu oficjalnego stanowiska ICTV, udział w edycji pracy.

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.

Rozdziały w monografiach naukowych:

Przed uzyskaniem stopnia doktora

nie dotyczy

Po uzyskaniu stopnia doktora

Jestem autorem 4 rozdziałów podręcznika akademickiego **“Wirusologia” pod red. prof. dr hab. Anny Goździckiej-Józefiak** (Wydawnictwo Naukowe PWN, wyd. I 2019 r., wyd. II 2022 r.) i współautorem jednego rozdziału oraz aneksu (MEiN 80).

R1. **Barylski J**, "Klasyfikacja wirusów", s.29-30

WKŁAD HABILITANTA: jedyny autor rozdziału (zarówno w wydaniu I jak i II).

R2. **Barylski J**, "Wirusy prokaryota", s.201-210

WKŁAD HABILITANTA: jedyny autor rozdziału (zarówno w wydaniu I jak i II).

R3. **Barylski J**, Poręba E, “Wykorzystanie wirusów w biotechnologii, biologii molekularnej i inżynierii genetycznej”, s.293-298

WKŁAD HABILITANTA: autor części rozdziału dotyczącej wykorzystania bakteriofagów (zarówno w wydaniu I jak i II).

R4. **Barylski J**, “Fagoterapia”, s.299-300

WKŁAD HABILITANTA: jedyny autor rozdziału (zarówno w wydaniu I jak i II).

R5. **Barylski J** „Wykorzystanie nowoczesnych metod sekwencjonowania w wirusologii”, s.334-336

WKŁAD HABILITANTA: Jestem jedynym autorem rozdziału (rozdział dodany w wydaniu II).

R6. **Barylski J**, Bałdysz S, ANEKS: “Taksonomia wirusów i subwirusowych czynników zakaźnych”, s.365-378

WKŁAD HABILITANTA: Jestem współautorem tabeli z grupami taksonomicznymi wirusów.

Opracowania zbiorowe, katalogi zbiorów, dokumentacja prac badawczych, ekspertyz, utworów i dzieł artystycznych

nie dotyczy

3. Wykaz członkostwa w redakcjach naukowych monografii.

nie dotyczy

4. Wykaz opublikowanych artykułów w czasopismach naukowych (bez poz. wymienionych w pkt I.2)

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)
oznaczenie (^{GS}) oznacza pracę nie indeksowaną przez Web of Science, której dane o cytatach pochodzą z bazy Google Scholar
- Liczbę cytowań (na dzień 30.08.2023)

Przed uzyskaniem stopnia doktora

- 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: -

IF 0.9|1.7|1.8; MEiN 13*|40; Cyt. 4

WKŁAD HABILITANTA: wykonanie części badań PCR i izolacji mikroorganizmów, udział w edycji pracy

Po uzyskaniu stopnia doktora

- 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)

IF 3.9|3.5|3.3; MEiN 35*|100; Cyt. 3

WKŁAD HABILITANTA: analiza bioinformatyczna, współudział w pisaniu i edycji pracy

- 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)
IF 1.6|1.4|1.9; MEiN 20*|40; Cyt. 53

WKŁAD HABILITANTA: amplifikacja markerów filogenetycznych, wykonanie analiz filogenetycznych, współudział w pisaniu i edycji pracy

- 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)
IF 1.0|2.6|2.6; MEiN 15*|40; Cyt. 248

WKŁAD HABILITANTA: współudział w analizie prac źródłowych, pisaniu i edycji pracy

- 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)
IF 3.7|3.9|3.5; MEiN 35*|140; Cyt. 47

WKŁAD HABILITANTA: współudział w analizie prac źródłowych, pisaniu i edycji pracy

- P6. Messyas 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: -
IF 0.7|1.0|1.2; MEiN 15*|40; Cyt. 11

WKŁAD HABILITANTA: izolacja mikroorganizmów heterotroficznych, molekularna i bioinformatyczna analiza składu gatunkowego bakterii na podstawie sekwencji markerów taksonomicznych 16S, współudział w pisaniu i edycji pracy

- 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)

IF 4.5|6.8|5.6; MEiN 40*|140; Cyt. 30

WKŁAD HABILITANTA: analizy bioinformatyczne, statystyczne oraz pomoc w interpretacji wyników i formułowaniu hipotez, współudział w pisaniu i edycji pracy

- 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)

IF 3.0|4.7|4.2; MEiN 35*|140; Cyt. 17

WKŁAD HABILITANTA: moją rolą była molekularna i bioinformatyczna analiza markerów filogenetycznych, współudział w edycji pracy

- 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)

IF 2.0|2.4|2.7; MEiN 20*|70; Cyt. 66

WKŁAD HABILITANTA: udział w pracy naukowo-administracyjnej i dyskusjach podkomitetu opisanych w raporcie

- 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)

IF 3.3|4.8|4.3; MEiN 40*|100; Cyt. 19

WKŁAD HABILITANTA: adnotacja genów i bioinformatyczne analizy porównawcze oraz statystyczne

- 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)

IF 3.1|4.5|4.6; MEiN 30*|100; Cyt. 18

WKŁAD HABILITANTA: bioinformatyczna analiza różnorodności i ewolucji białek, interpretacja uzyskanych wyników, współudział w edycji pracy

- 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)
IF 2.1|2.4|2.7; MEiN 20*|70; Cyt. 36
WKŁAD HABILITANTA: udział w pracy naukowo-administracyjnej i dyskusjach podkomitetu opisanych w raporcie
- P13. Celiński K, Kijak H, **Barylski J**, Grabsztunowicz M, Wojnicka-Półtorak 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)
IF 0.7|0.7|1.1; MEiN 20*|40; Cyt. 7
WKŁAD HABILITANTA: bioinformatyczna analiza sekwencji genomu (wspólnie z Kijak H), współudział w edycji pracy
- 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)
IF 2.2|2.4|2.7; MEiN 20*|70; Cyt. 60
WKŁAD HABILITANTA: udział w pracy naukowo-administracyjnej i dyskusjach podkomitetu opisanych w raporcie
- 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)
IF 4.0|4.9|4.6; MEiN 40*|140; Cyt. 59
WKŁAD HABILITANTA: konsultacja zagadnień filogenetycznych i genomicznych
- P16. Džiga D, Kokociński M, **Barylski J**, Nowicki G, Maksylewicz A, Antosiak A, Banaś 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)
IF 3.6|5.0|4.2; MEiN 100|140; Cyt. 13

WKŁAD HABILITANTA: moją rolę była molekularna i bioinformatyczna analiza danych metagenomowych, współudział w edycji pracy

- P17. Adriaenssens EM, Sullivan MB, Knezevic P, van Zyl LJ, Sarkar BL, Dutilh BE, Alfenas-Zerbini P, Łobocka 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)
IF 2.5|2.4|2.7; MEiN 70|70; Cyt. 95

WKŁAD HABILITANTA: udział w pracy naukowo-administracyjnej i dyskusjach podkomitetu opisanych w raporcie

- 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)
IF n.d.|6.5|6.5; MEiN 20|20; Cyt. 27

WKŁAD HABILITANTA: pomoc w projektowaniu testów sprawdzających jakość przewidywań programu oraz interpretacji znaczenia biologicznego wyników oraz współudział w edycji pracy

- 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)
IF 7.3|7.1|5.4; MEiN 140|140; Cyt. 9

WKŁAD HABILITANTA: pomoc w dostosowaniu założeń algorytmu do specyfiki genomów bakteriofagowych oraz interpretacji biologicznego znaczenia wyników, współudział w pisaniu i edycji pracy

- 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, Łobocka 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)

IF 2.6|2.4|2.7; MEiN 70|70; Cyt. 12

WKŁAD HABILITANTA: udział w pracy naukowo-administracyjnej i dyskusjach podkomitetu opisanych w raporcie

- 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)

IF 8.0|7.8|8.2; MEiN 100|100; Cyt. 0

WKŁAD HABILITANTA: analiza filogenetyczna białek TLP, interpretacja wyników bioinformatycznych

- 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)

IF n.d.|n.d.|n.d.; MEiN n.d.|70; Cyt. 13^{GS}

WKŁAD HABILITANTA: udział w implementacji części narzędzi bioinformatycznych i ocenie wyników ich działania

- 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.

[10.3389/fmicb.2022.946070](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.946070)

IF 5.2|6.2|5.2; MEiN 140|140; Cyt. 1

WKŁAD HABILITANTA: konsultacja zagadnień związanych z genomiką i taksonomią fagów, a także pomoc przy projektowaniu niektórych rozwiązań interfejsu użytkownika oraz współudział w pisaniu i edycji pracy

- 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)

IF 6.0|6.7|6.0; MEiN 140|140; Cyt. 0

WKŁAD HABILITANTA: analiza (złożenie i sortowanie) danych metagenomicznych,

bioinformatyczna identyfikacja enzymów o właściwościach bakteriobójczych, przewidywanie właściwości zidentyfikowanych enzymów, współudział w pisaniu i edycji pracy

- 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)

IF 2.7|2.4|2.7; MEiN 70|70; Cyt. 0

WKŁAD HABILITANTA: udział w pracy naukowo-administracyjnej i dyskusjach podkomitetu opisanych w raporcie

Podsumowując, jestem autorem lub współautorem 34 publikacji naukowych (9 ujętych w osiągnięciu oraz 25 poza nim), w tym:

- 3 jako pierwszy autor
- 2 jako równorzędny drugi autor
- 4 jako autor korespondencyjny
- 3 jako ostatni autor

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.

Przed uzyskaniem stopnia doktora

- Mazur W, **Barylski J**, Messyasz B, Gąbka M, Rybak A, Burchardt L, Goździcka-Józefiak A "Relations between microorganisms in Góreckie lake (Greater Poland National park)" plakat, *Mikroorganizmy w środowisku- od ekologii do technologii - VI Ogólnopolska Konferencja Hydromikrobiologiczna*, Gdańsk-Gdynia 2010
- Mazur W, **Barylski J**, Messyasz B, Gąbka M, Rybak A, Burchardt L, Goździcka-Józefiak A "Rozpoznanie składu gatunkowego bakterii w Jeziorze Góreckim (Wielkopolski Park Narodowy)" komunikat ustny, *Środowiskowe źródła zagrożeń zdrowotnych*, Kazimierz Dolny 2010
- **Barylski J**, Mazur W, Messyasz B, Gąbka M, Rybak A, Burchardt L, Goździcka-Józefiak A "Microorganisms composition in the horizontal and vertical profiles of Góreckie Lake" komunikat ustny, *Taksonomia Królową Nauk – Glony w całej krasie*, Kraków/Niedzica 2010
- **Barylski J**, Messyasz B, Mazur W, Gąbka, Rybak A, Nowicki G, Burchardt L, Goździcka-Józefiak A "Seasonal changes in microbial communities composition in Góreckie Lake (Wielkopolska, Poland)" plakat, *MICOM 2010 - PhD Conference on Microbial Communication*, Jena 2010
- **Barylski J**, Nawrot R, Goździcka-Józefiak A "Gene encoding Taumatin – like protein from Hollowroot (*Corydalis cava*) the novel member of TLP family" plakat, *10th German Peptide Symposium*, Berlin 2011
- **Barylski J**, Nawrot R, Goździcka-Józefiak A „The gene for thaumatin-like protein from Hollowroot (*Corydalis cava*) as putative part of its defence system" plakat, *II Konferencja Naukowo-Dydaktyczna Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu*, Poznań 2012

Po uzyskaniu stopnia doktora

- Kujawa N, Nowicki G, **Barylski J** „Φalys1 nowy enzybiotyk z faga phiAGATE”, plakat, *III Konferencja Naukowo-Dydaktyczna Wydziału Biologii UAM - Wyzwania współczesnej biologii, biotechnologii, bioinformatyki i ochrony środowiska*, Poznań 2012
- Lavigne R, Yamada T, Wittmann J, Vogensen FK, Sullivan MB, Rumnieks J, Prangishvili D, Kuhn JH, Krupovic M, Kropinski AM, Klumpp J, Gillis A, Enault F, Edwards RA, Dutilh BE, Duffy S, Clokie MRC, **Barylski J**, Ackermann HW, Adriaenssens EM “The Taxonomy of Bacterial Viruses: An Update from the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV)” plakat, *21st Biennial Evergreen International Phage Meeting*, Evergreen State College USA 2015
- **Barylski J** “(Meta)genomic methods in the monitoring and analysis of cyanobacterial blooms”, komunikat ustny na zaproszenie, “CyanoStop 2017”, Kraków 2017
- Wojnarowski F, Majewska M, Krakowiak M, Nowicki G, Musidlak O, **Barylski J**, “Phage discovery with student researchers - a report from the battlefield” komunikat ustny, *Bacteriophages in science and in practice - mini-symposium*, Warszawa 2019

- Wojnarowski F, **Barylski J**, Tomaszewska M, Morawska M, Węglewska M, Musidlak O “Optimization of propagation and purification methods for Bastille bacteriophage in the context of their use for control of pathogenic and harmful Bacillus bacteria” plakat, V Konferencja Naukowo-Dydaktyczna Wydziału Biologii UAM, Poznań. 2019
- 8. Wykaz udziału w komitetach organizacyjnych i naukowych konferencji krajowych lub międzynarodowych, z podaniem pełnionej funkcji.**

Współorganizator konferencji EMBO “Viruses of Microbes” we Wrocławiu, 2018.

- 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.**

Zrealizowane przed uzyskaniem stopnia doktora:

nie dotyczy

Zrealizowane po uzyskaniu stopnia doktora:

- Kierownik grantu **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)
- Kierownik grantu **NCN SONATA** nr 2016/23/D/NZ2/00435 “Mechanizmy ekspresji genów u fagów z grupy Bastille: klucz do ich potencjalnych zastosowań” (2017-2022, 658 850 zł)
- Kierownik grantu **CEDROB** Wspieramy rozwój “Bakteriofagi dla bezpiecznej żywności” (2017, 20 000 zł, grant CSR finansowany przez firmę prywatną)
- Opiekun naukowy grantu **Studenckie koła naukowe tworzą innowacje** nr SKN/SP/495823/2021 “Modernizacja innowacyjnego programu PhageBlaster służącego do przewidywania interakcji fag-gospodarz” (finansowanego ze środków Ministerstwa Edukacji i Nauki, kierownik Michalina Krakowiak, 2020-2021, 62 890 zł)
- Opiekun naukowy **BESTStudentGRANT** nr 529.020 “Analiza porównawcza różnych technik konserwowania bakteriofagów z grupy Bastille w kontekście ich zastosowanie do zwalczania chorobotwórczych i niepożądanych bakterii z rodzaju Bacillus” (finansowanego ze środków programu „Inicjatywa doskonałości – uczelnia badawcza” ID-UB przyznanych UAM, kierownik Filip Wojnarowski, 2017 - 2018, 5 000 zł)
- Opiekun naukowy grantu **Study@research** nr 049/34/UAM/0044 “Opracowanie wydajnej metody izolacji wirusowego DNA ze szczątków roślinnych” (finansowanego ze środków programu „Inicjatywa doskonałości – uczelnia badawcza” ID-UB przyznanych UAM, kierownik Filip Wojnarowski, 2022-2023, 5 000 zł)

W toku realizacji:

- Kierownik grantu **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)

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

Od 2014 członek Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów (ICTV). W latach 2014-2019 kierownik grupy badawczej wirusów Bacillus, od 2019 roku grupy badawczej do spraw wirusów z rodziny *Herelleviridae*.

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

- 2017 – trzymiesięczny staż w Zespole Metagenomiki Uniwersytetu w Utrechcie (Królestwo Niderlandów). Staż zapoczątkował wieloletnią współpracę z kierownikiem zespołu prof. Basem E. Dutilhem, Efektem współpracy jest szereg artykułów [Os7, Os9, P9, P12, P14, P17, P18, P20, P25](#) dotyczących metagenomiki, nowych metod bioinformatycznych i systematyki wirusów.
- 2015 - 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](#).
- 2015 - dwumiesięczny 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.

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

Gościnnie, redaktor specjalnego wydania „Bacteriophage Biology: From Genomics to Therapy” czasopisma International Journal of Molecular Sciences (IF 5.6|6.2|5.6; MEiN 140|140)

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

Byłem recenzentem czterech prac w czasopismach o zasięgu międzynarodowym (dane z *Web of Science - Clarivate* z dnia 15.09.2023):

- **PLOS ONE:** PONE-D-14-15737
1 praca 2014; IF 3.2|3.8|3.7; MEiN 40*|140
- **Virology Journal:** VIRJ-D-17-00502, VIRJ-D-20-00474R3
2 prace 2017, 2020; IF 2.4|3.9|4.8; MEiN 20*|70
- **Microbial Ecology:** MECO-D-20-00204
1 praca 2020; IF 4.5|4.2|3.6; MEiN 100|140

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

- Współorganizator warsztatów 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).
- 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.

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

- 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](#).
- Od 2021 roku współpracuję z zespołem doktora Felipe Hernandesa Coutinho oraz prof. Francisco Rodriguez-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](#)

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

nie dotyczy

III. WSPÓŁPRACA Z OTOCZENIEM SPOŁECZNYM I GOSPODARCZYM

1. Wykaz dorobku technologicznego.

nie dotyczy

2. Współpraca z sektorem gospodarczym.

nie dotyczy

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

Wnioski patentowe:

- 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.

WKŁAD HABILITANTA: Mój wkład w powstanie wniosku polegał na zaplanowaniu i wykonaniu badań bioinformatycznych które doprowadziły do odkrycia nowego enzymu (wraz z doktorantką, Sophią Baldysz). W zgłoszeniu został on oceniony na 20%.

4. Wykaz wdrożonych technologii

nie dotyczy

5. Wykaz wykonanych ekspertyz lub innych opracowań wykonanych na zamówienie instytucji publicznych lub przedsiębiorców.

- Ekspertyza 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.
- Ekspertyza 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 bioapatów pobieranych od pacjentów (do 200 prób) oraz we wskazanych przez Zamawiającego bazach danych genomowych” praca wykonana dla IITD PAN we Wrocławiu.

6. Wykaz udziału w zespołach eksperckich lub konkursowych

nie dotyczy

7. Wykaz projektów artystycznych realizowanych ze środowiskami pozaartystycznymi.

nie dotyczy

IV. DANE NAUKOMETRYCZNE

Przed doktoratem opublikowana została jedynie jedna praca o wskaźnikach: IF 0.9|1.7|1.8; MEiN 13*|40 cytowana dotychczas 4 razy. ączny dorobek podsumowano w poniższej tabeli:

	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.