

**Recenzja wniosku habilitacyjnego
z dnia 18.09.2023 r.
Pana doktora Jakuba Barylskiego**

Pan Jakub Barylski uzyskał stopień doktora nauk biologicznych w dyscyplinie biologia w roku 2012. Stopień ten nadany został przez Radę Wydziału Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Promotorem rozprawy była Pani prof. dr hab. Anna Goździcka-Józefiak Tytuł rozprawy: „Charakterystyka nowo odkrytego bakteriofaga AGATE wyizolowanego z wody i osadów Jeziora Góreckiego”. Obecnie Kandydat ubiega się o uzyskanie stopnia doktora habilitowanego nauk ścisłych i przyrodniczych w dyscyplinie nauki biologiczne. Postępowanie habilitacyjne prowadzone jest przez Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Pan dr Jakub Barylski przedstawił kompletny wniosek habilitacyjny wraz z wymaganymi załącznikami. Wśród osiągnięć naukowych, zgodnie z art. 219 ust. 1 pkt. 2 Ustawy z 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (zwanej dalej Ustawą - Dz. U. 2023 poz. 742 ze zm.), wyodrębniony został cykl publikacji, zatytułowany „Nowe spojrzenie na strukturę, różnorodność i ewolucję genomów bakteriofagów z klasy *Coudoviricetes*”. Cykl ten spełnia warunki formalne wskazane w Ustawie. Na podstawie powyższego stwierdzam, że wniosek jest przygotowany poprawnie pod względem formalnym.

Ocena osiągnięcia naukowego, o którym mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 Ustawy

Jako osiągnięcie naukowe, Pan dr Jakub Barylski przedstawił wyniki badań opublikowane w latach 2014-2023 w cyklu 9 powiązanych tematycznie artykułów, które ukazały się w międzynarodowych czasopismach naukowych. Sumaryczny Impact Factor publikacji będących podstawą osiągnięcia w/g bazy Journal Citation Reports wynosi 38,8. Prace są względnie dobrze cytowane, jak

policzyłam 162 razy. W trzech publikacjach Kandydat jest pierwszym autorem, w dwóch jest drugim a w czterech autorem korespondującym. Kandydat zatytułował swoje osiągnięcie „Nowe spojrzenie na strukturę, różnorodność i ewolucję genomów bakteriofagów z klasy *Coudoviricetes*”. Większość badań zamieszczonych w publikacjach składających się na osiągnięcie była realizowana w ramach grantów: SONATA Narodowego Centrum Nauki, NCBiR LIDER oraz projektu NCN PRELUDIUM. Tytuł osiągnięcia jest trafny, gdyż faktycznie Kandydat w swoich badaniach skupił się na poznaniu budowy genomów fagów ogonkowych a co za tym idzie udowodnieniu również ich różnorodności.

Tematyka badawcza Habilitanta jest bardzo aktualna i ważna z punktu widzenia badań molekularnych, ewolucyjnych, przewidywania funkcji genów, identyfikacji i charakterystyki bakteriofagów oraz odpowiedniego ich usystematyzowania. Godnym zauważenia jest udział p. dr Barylskiego w projekcie dr Andrzeja Zielezińskiego w tworzeniu narzędzi informatycznych do prognozowania oddziaływań pomiędzy fagami a bakteriami. W momencie lawinowego rozwoju terapii bakteriofagami i poszukiwania fagów na szeroką skalę, proces prognozowania potencjalnych oddziaływań pomiędzy fagami a bakteriami nabiera praktycznego znaczenia.

Celem badań Habilitanta było poznanie budowy, różnorodności i ewolucji genomów wybranych przedstawicieli fagów (dziewięć z klasy *Cadoviricetes*).

Na początku analizy ocenianego cyklu publikacji warto zaznaczyć, że Pan dr Jakub Barylski był wiodącym autorem w większości prac składających się na ten cykl. Potwierdza to Jego pozycja na liście autorów (w czterech publikacjach pełnił rolę autora korespondującego), co również potwierdzają oświadczenia współautorów. W pięciu publikacjach Habilitant uczestniczył w opracowaniu koncepcji badań, pisaniu i edycji manuskryptu oraz przeprowadził analizę funkcjonalną, strukturalną, ewolucyjną genomów fagów we wszystkich artykułach. Wszystkie wymienione przez Habilitanta czynności pozwalają mi na stwierdzenie, że odegrał on wiodącą rolę w powstaniu wszystkich manuskryptów włączonych do osiągnięcia.

Pierwszą pracą wchodzącą w skład osiągnięcia jest publikacja wydana w *Plos One* w roku 2014 (o IF w momencie publikacji wynoszącym 3,2), w której Habilitant jest pierwszym autorem. Liczba cytowani tej publikacji wynosi 28. W pracy tej dr Barylski scharakteryzował nowo odkrytego faga phiAGATE, którego gospodarzem jest *Bacillus pumilus* pod względem morfologicznym,

fizjologicznym oraz genetycznym. Zlokalizował w genomie faga geny, których produkty mogą znaleźć zastosowanie w biotechnologii. Bardzo dużo miejsca w tej pracy Habilitant poświęcił analizom filogenetycznym.

W drugiej pracy cyklu z 2014 roku z *Genome Announcements* (nie indeksowanej) i cytowanej tylko 3 razy Habilitant analizował faga phD2B, który namnażał się na bakterii z rodzaju *Lelliottia*, którą wyizolowano z osadów Jeziora Góreckiego i był jak się okazało nowym gatunkiem faga. Najistotniejsza informacja płynąca z tego manuskryptu to wykrycie obecności intronu grupy I (elementu mobilnego) w genie terminazy.

Kolejną grupą fagów a dokładniej dwoma fagami, których analizą zajął się dr Barylski to wirusy infekujące szczep *Clostridium difficile* a wyizolowane z prób pobranych w Iraku. Manuskrypt ten powstał we współpracy z zespołem dr Marthy Clokie z Wydziału Nauk Medycznych Uniwersytetu w Leicester. Został opublikowany w 2016 roku w czasopiśmie *Viruses* i był cytowany 24 razy. W manuskrypcie tym skupiono się z doświadczeń fizjologicznych jedynie na analizie spektrum gospodarza obydwu fagów, które było dosyć szerokie, stąd wniosek, że istnieje potencjalna możliwość zastosowania ich w terapii. Pozostałe analizy dotyczą genomu i filogenezy genów terminazy oraz endolizyn. W podobnym tonie są utrzymane dwie kolejne prace z *Archives Virology* oraz *Plos One*. W jednej przedstawiono analizę genomów dwóch fagów KNP i WRT wyizolowanych przez studentów koła naukowego. Okazało się, że należą one do nieznanego wcześniej gatunku a infekują bakterie *Pseudomonas fluorescens*. Genomy obu fagów wykazały duże podobieństwo pod względem długości oraz budowy, różniły się tylko białkiem włókienka ogonka co mogłoby świadczyć o tym, że są zdolne do infekowania różnych szczepów bakterii. W drugiej z wyżej wymienionych prac przedstawiono charakterystykę również dwóch fagów Str01 i Str03 infekujących paciorkowce z grupy A pod względem morfologii, stabilności oraz genomów. Pan Barylski przedstawił analizę genomów, z której wynikało, że sekwencje ich genomów powstały w wyniku transferu genów pomiędzy fagami i profagami gospodarzy ale niosą kilka interesujących genów jak chociażby geny holin czy układ toksyna-antytoksyna typu HicA/B. Serię prac przedstawiających analizy genomów fagów zamyka manuskrypt opublikowany w *Frontiers in Microbiology* w 2023 roku (niestety jeszcze nie cytowany). Bohaterem tego artykułu jest fag Thurquise, spokrewniony z fagiem phi AGATE, który infekuje *Bacillus thuringiensis*. Habilitant przeprowadził również solidną analizę jego materiału genetycznego, wykazując obecność szeregu sekwencji powtórzonych, co może świadczyć o tym, że fag ten replikuje się metodą

toczącego się koła, czyli powstają kopie genomu, które są ze sobą połączone a potem dopiero są przecinane i pakowane do główek fagowych. Jest to bardzo ciekawa i cenna jak dla mnie informacja, bo dotyczy sposobu replikacji materiału genetycznego faga i w literaturze tematu bardzo rzadko spotykana.

Kolejnym etapem pracy Habilitanta była analiza ewolucji fagów a co za tym idzie reorganizacja systematyki fagów. W tą tematykę wpisują się trzy artykuły wieloautorskie, w których Kandydat jest pierwszym bądź jednym z czołowych autorów, które zostały opublikowane w latach 2020-2023 w bardzo dobrych czasopismach takich jak: *Pols Biology* czy *Systematic Biology*, gdzie szczególnie ten ostatni jest dobrze cytowany, bo 62 razy. Dr Barylski podczas analizy genomów fagów z podrodziny *Spounavirinae* stwierdził, że obowiązująca systematyka nie ukazuje różnorodności spokrewnionych wirusów i nie odzwierciedla przebiegu ich filogenezy. Konsekwencją czego było utworzenie nowej rodziny wirusów o nazwie *Herelleviridae* oraz pięć podrodziny siedem nowych rodzajów. Wraz ze współautorami (członkami Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów, którego dr Barylski jest członkiem) opisano strukturę, biologię rodziny *Herelleviridae* oraz zlikwidowano trzy rodziny fagów a mianowicie: *Siphoviridae*, *Podoviridae* oraz *Myoviridae* i zastąpiono je rodzinami odpowiadającymi liniom ewolucyjnym podobnych genetycznie wirusów a za tym poszło wprowadzenie dziesiątek nowych rodzajów i setek nowych gatunków. Habilitant został zaproszony do grona ekspertów, którzy opracowali zasady rządzące taksonomią wirusów w deklaracji pt: "Four principles to establish a universal virus taxonomy", będącej oficjalnym stanowiskiem Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów w sprawie podstawowych założeń i kierunków rozwoju systematyki wirusów.

Podsumowując, po zapoznaniu się z publikacjami składającymi się na osiągnięcie Pana dr Jakuba Barylskiego pozostaje mi stwierdzić, że stanowi ono doniosły wkład Habilitanta w rozwój nauk biologicznych.

Ocena pozostałych osiągnięć naukowych

Ponieważ wymogiem ustawowym dla Habilitantów jest posiadanie więcej niż jednego osiągnięcia naukowego, kluczowym jest stwierdzenie, czy Kandydat spełnia ten warunek. Pan dr Jakub Barylski posiada w swoim dorobku oprócz prac wchodzących w skład głównego osiągnięcia, 25 prac oryginalnych.

Habilitant w autoreferacie jako dodatkowe osiągnięcie naukowe podaje jeszcze inne zestawy publikacji i aktywności: 1. wykorzystanie metod genetyki bakteriofagów do projektowania algorytmów bioinformatycznych- udział w grupie dr Zielezińskiego w opracowaniu programów -innovacyjnych algorytmów do przewidywania par fag-gospodarz; oraz prof. Filipe Coutinho-stworzenie programu, który uczy się rozpoznawać gospodarzy na podstawie analiz rodzin białkowych występujących w genomach fagów jak również z prof. Edwardsem-ocena jakości przewidywań programów służących do wykrywania profagów 2. badanie białek i peptydów o potencjalnym zastosowaniu medycznym; 3. wykorzystanie metod transkryptomicznych i proteomicznych do badania mechanizmów obrony roślin; 4. badanie oddziaływań mikroorganizmów w ekosystemach słodkowodnych; 5. filogenetyka, filogenomika i biologia ewolucyjna organizmów eukariotycznych. Moim zdaniem temat nr 2 wydaje się być szczególnie interesujący i bliski moim obecnym zainteresowaniom, gdzie Habilitant opracował metodę izolacji enzymów przeciwdrobnoustrojowych syntetyzowanych przez fagi bezpośrednio z metagenomów izolowanych ze środowiska. Powstało kilka programów, które wykorzystują dane z wysokoprzepustowego sekwencjonowania metagenomów do masowej identyfikacji enzymów bakteriobójczych. Dzięki zastosowaniu metodologii Habilitanta zidentyfikowano i scharakteryzowano endolizynę eliminującą bakterie z rodzaju *Rothia*. Jej zastosowanie chroni patent pt:”Polipeptyd i jego zastosowanie jako środek bakteriobójczy wobec bakterii *Rothia sp*”, którego Habilitant jest współautorem.

Opinia o wykazywaniu się przez Habilitanta istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury

Ustawa nakłada na komisję habilitacyjną obowiązek oceny spełnienia kryterium opisanego w art. 219 ust. 1 pkt. 3 (czyli wykazywania się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej). Pomimo iż nie jest to obowiązkiem recenzenta, w ramach tej recenzji pozwolę sobie przedstawić moją opinię na ten temat. Kryterium to będzie bowiem przedmiotem oceny komisji habilitacyjnej, zatem moja ocena będzie również wyrażona w formie pisemnej. Ustawa nakłada na kandydatów do stopnia doktora habilitowanego obowiązek wykazania się mobilnością naukową oraz istotną

aktywnością badawczą w tym świetle. Czy Pan dr Jakub Barylski spełnia zatem powyższy wymóg?

Habilitant w przedstawionych materiałach wskazuje na odbycie trzymiesięcznego stażu w 2017 roku w Zespole Metagenomiki Uniwersytetu w Utrechcie (Królestwo Niderlandów). Staż ten zapoczątkował wieloletnią współpracę, która przetrwała do dnia dzisiejszego, efektem której jest 9 publikacji.

Drugi miesięczny staż miał miejsce w 2015 roku w Katedrze Infekcji, Odporności i Stanu Zapalnego, Wydziału Nauk Medycznych, Uniwersytetu w Leicester. Podczas tego pobytu Habilitant prowadził badania nad bakteriofagami *Clostridioides*, które zostały opisane w dwóch publikacjach. Również w roku 2015 Habilitant odbył dwu-miesięczny staż w Instytucie Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN we Wrocławiu gdzie pod kierunkiem prof. Krystyny Dąbrowskiej prowadził badania nad fagami bakterii *Streptococcus*, które przedstawiono w publikacji.

Kluczowe zatem staje się odpowiedzenie na pytanie, czy aktywność naukowa Habilitanta w więcej, niż jednej uczelni była istotna? Na to pytanie odpowiadam twierdząco.

Habilitant w materiałach opisuje również swoje bardzo liczne współprace naukowe, w wyniku których wydawano wiele publikacji i jest to niewątpliwie bardzo cenna aktywność ale niemniej należy wskazać, że współpraca polegająca na wykonywaniu części badań przez Habilitanta w jego miejscu pracy zaś innej części badań przez współpracowników prowadzących je w innych ośrodkach, nie spełnia kryterium ujętego w art. 219 ust. 1 pkt. 3 Ustawy. Nie jest to bowiem aktywność Habilitanta odbywana w różnych jednostkach naukowych.

Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę.

Od roku 2013 Pan dr Barylski prowadzi zajęcia dydaktyczne dla studentów kierunków biologia, biotechnologia i bioinformatyka na Wydziale Biologii UAM. Pełni rolę promotora pomocniczego w przewodzie doktorskim Pani Sophii Bałdysz. Był promotorem 14 prac licencjackich i 9 prac magisterskich oraz opiekunem naukowym Koła Naukowego Przyrodników UAM. Sprawował opiekę nad projektami studenckimi przyznanymi przez Ministerstwo Edukacji i Nauki. Był kierownikiem projektów: LIDER NCBiR, PRELUDIUM oraz SONATA NCN co wyraźnie wskazuje na fakt, że potrafi zdobywać środki na badania w

konkursowej procedurze. Jest nie niezwykle cenna umiejętność w perspektywie stworzenia własnego zespołu badawczego. Kandydat angażuje się w pracę Wydziału Biologii UAM będąc członkiem Rady Programowej kierunku Bioinformatyka. Aktywnie uczestniczył w przygotowaniu „Nocy Biologów”, „Noc Naukowców” oraz zorganizował wykłady i ćwiczenia dla uczniów klas patronackich. Za swoją działalność naukową został uhonorowany: Nagrodą Rektora, Nagrodą Inteligentnego Rozwoju, Nagrodą Ministra Edukacji i Nauki za znaczące osiągnięcia dydaktyczne czy Nagrodą Prezydenta Miasta Poznania za wyróżniającą się pracę doktorską. Habilitant może się poszczycić również współpracą z otoczeniem społeczno-gospodarczym poprzez udział w powstawaniu ekspertyz czy uzyskaniu finansowania od firmy „Cedrob” na projekt pt:” Bakteriofagi dla bezpiecznej żywności”

Wniosek końcowy

Na podstawie wyżej przedstawionej analizy stwierdzam, że Pan dr Jakub Barylski spełnia wszystkie kryteria zawarte w Ustawie, z wyraźnym zaznaczeniem, że warunek o znaczącym wkładzie przedstawionego osiągnięcia w rozwój dyscypliny, jako niezbędny do uzyskania stopnia doktora habilitowanego, został spełniony w stopniu zadawalającym. W związku z tym, popieram wniosek Pana doktora Jakuba Barylskiego o nadanie mu stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne.

Prof. dr hab. Alicja Węgrzyn