



**POLITECHNIKA
GDAŃSKA**

WYDZIAŁ CHEMICZNY



**UCZELNIA
BADAWCZA**
INICJATYWA ODSKONALCÓŚĆ

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii

data 21.03.2024 r.

dr hab. Beata Zalewska-Piątek, prof. uczelni

Recenzja

Osiągnięcia naukowego pt. „**Nowe spojrzenie na strukturę, różnorodność i ewolucję genomów bakteriofagów z klasy *Caudoviricetes***”

oraz

aktywności naukowej, dorobku dydaktycznego, organizacyjnego i popularyzatorskiego,
doktora Jakuba Barylskiego

Poniższa recenzja została wykonana w odpowiedzi na decyzję rady naukowej dyscypliny nauki biologiczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, powołującej mnie do komisji habilitacyjnej w roli recenzenta, na podstawie następujących dokumentów dołączonych do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne:

- 1) dane wnioskodawcy;
- 2) kopia dokumentu potwierdzającego posiadanie stopnia doktora;
- 3) autoreferat przedstawiający opis kariery zawodowej oraz istotnej aktywności naukowej realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej;
- 4) wykaz osiągnięć naukowych stanowiących znaczny wkład w rozwój określonej dyscypliny;
- 5) kopie artykułów naukowych wchodzących w skład osiągnięcia naukowego wraz z wykazaniem merytorycznego wkładu Habilitanta w powstanie każdej pracy;
- 6) kopie artykułów i dokumentów potwierdzających pozostałe osiągnięcia;
- 7) pełna dokumentacja w wersji papierowej i elektronicznej.

Jednoznacznie stwierdzam, że otrzymane przeze mnie dokumenty (w języku polskim i angielskim) są kompletne, tak pod względem formalnym, jak i merytorycznym biorąc pod uwagę karierę zawodową, osiągnięcie naukowe, pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze, działalność dydaktyczną, organizatorską i popularyzatorską oraz współpracę naukową podjętą przez Pana dr Jakuba Barylskiego. Zapoznanie się z całością dokumentacji pozwoliło mi na bezsporne dokonanie oceny złożonego wniosku i przygotowanie recenzji.

1. Sylwetka naukowa i zawodowa dr Jakuba Barylskiego

Pan dr J. Barylski uzyskał w 2006 r. tytuł zawodowego licencjata na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza (UAM) w Poznaniu. Następnie kontynuował dalszą naukę na studiach II stopnia na macierzystej uczelni po ukończeniu, której uzyskał w 2008 r. tytuł magistra biotechnologii. Kolejnym etapem w rozwoju naukowym Habilitanta było uzyskanie w 2012 r. stopnia naukowego doktora nauk biologicznych w zakresie biologii, nadanego mu uchwałą Rady Wydziału Biologii UAM, na podstawie dysertacji pt. „*Charakterystyka nowo odkrytego bakteriofaga Φ AGATE wyizolowanego z wody i osadów Jeziora Góreckiego*”. Promotorem rozprawy doktorskiej była Pani prof. dr hab. Anna Goździecka-Józefiak. Od 2012 r. Pan dr J. Barylski jest zatrudniony na stanowisku adiunkta w Zakładzie Wirusologii Molekularnej Wydziału Biologii UAM.

2. Ocena osiągnięcia naukowego

2.1. Charakterystyka osiągnięcia naukowego

Na osiągnięcie naukowe reprezentowane pod wspólnym tytułem. „**Nowe spojrzenie na strukturę, różnorodność i ewolucję genomów bakteriofagów z klasy *Caudoviricetes***” składa się cykl dziewięciu powiązanych ze sobą tematycznie artykułów **naukowo-badawczych (prac eksperymentatorskich Os1-Os7 i Os9) i jednej pracy przeglądowej (Os8, 2020)**, opublikowanych w latach **2014-2023**. Przedłożone publikacje ukazały się w następujących czasopismach z bazy JCR (Journal Citation Reports): *PLOS ONE* (Os1, 2014 r.), *Genome Announe* (Os2, 2014 r.), *Viruses* (Os3, 2016 r.), *Archives of Virology* (Os4, 2017 r.), *PLOS ONE* (Os5, 2018 r.), *Frontiers in Microbiology* (Os6, 2023 r.), *Systemic Biology* (Os7, 2020 r.), *Journal of General Virology* (Os8, 2020 r.), *PLOS Biology* (Os9, 2023 r.). W **trzech publikacjach** Pan dr J. Barylski jest **pierwszym autorem**, w **dwóch drugim autorem** ze wskazaniem na równorzędny wkład, a w **czterech** jest **autorem korespondencyjnym**. Prace mają charakter współautorski ze zmienną liczbą autorów towarzyszących, w zależności od publikacji (2, 3, 4, 5, 7, 20 i 43). Udział Pana dr J. Barylskiego w powstaniu powyższych prac był znaczący co wynika z wyszczególnienia merytorycznego wkładu Habilitanta. Zakres wykonanych działań obejmował kluczowe etapy niezbędne do powstania powyższego dorobku naukowego tj. opracowanie koncepcji badań i planu manuskryptu (na podstawie uzyskanych wyników), jego sporządzenie i edytowanie, wykonanie analiz filogenetycznych, taksonomicznych i porównawczych, adnotacji sekwencji genomu

fagowego i analiz sekwencji powtórzonych metodą PCR (weryfikacja sekwencji uzyskanej metodami *in silico*) oraz interpretację uzyskanych wyników. Sumaryczny współczynnik oddziaływania powyższych publikacji, IF (Impact Factor) zgodnie z rokiem ich opublikowania wynosił **38,8**. Sumaryczna liczba punktów wg wykazu Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego zgodnie z rokiem ich wydania wynosiła **705**. Całkowita liczba cytowań dla powyższych publikacji określona na podstawie bazy Web of Science wynosiła w dniu 19.03.2024 – **187**. Najwięcej cytowań, bo aż **64** uzyskała publikacja *Frontiers in Microbiology* (Os6, 2023 r.). Liczba cytowań jest adekwatna do roku opublikowania powyższych artykułów (lata 2014-2023) i okresu dostępności ww. publikacji w bazach danych dla naukowców.

2.2 Ocena merytoryczna osiągnięcia naukowego stanowiącego podstawę habilitacji

Zaprezentowane przez Pana dr J. Barylskiego osiągnięcie naukowe ściśle dotyczy poznania budowy, różnorodności i ewolucji genomów wybranych fagów z klasy *Caudoviricetes*, która obecnie stanowi największy takson, obejmujący wirusy infekujące zarówno bakterie, jak i archeony. Powyższe fagi biorąc pod uwagę ich budowę zaliczane są do tzw. „ogonkowych”, których genom stanowi 2n liniowa cząsteczka DNA. W ramach prowadzonych badań i analiz Pan dr J. Barylski skoncentrował się na uzupełnieniu wiedzy, dotyczącej ww. grupy fagów, ich różnorodności i struktury genomów. Dokonał również charakterystyki 9-ciu różnych genomów fagowych. Wyraźnie można tu wyróżnić dwa nurty badawcze podjęte przez Habilitanta tj. „Nowe genomy i gatunki fagów” oraz „Reorganizacja systematyki fagów”.

Uważam, że metodyka badawcza podjęta przez Habilitanta jest przemyślana i jak najbardziej zasadna. Pierwszym fagiem, który został zbadany przez Pana dr J. Barylskiego, był fag phiAGATE (Os1, 2014 r.), zakażający Gram-dodatnie bakterie z gatunku *Bacillus pumilus*. Bakterie te, bytujące w różnych środowiskach, nie są uważane za patogen infekujący ludzi, aczkolwiek znane są izolaty, powodujące choroby roślin. Habilitant dokonał charakterystyki tego faga, który wyizolował z osadów Jeziora Góreckiego (Wielkopolski Park Narodowy), uwzględniając jego morfologię, zawartość proteomiczną i cykl replikacyjny. Bardzo dużym osiągnięciem Habilitanta było zidentyfikowanie w genomie faga genów kodujących białka o potencjalnej użyteczności biotechnologicznej (np. hydrolazy poli- γ -glutaminianu). Powyższe badania zostały wykonane w ramach projektu grantowego NCN PRELUDIUM.

Następny etap badań, opisany w pracy (Os2) pochodzącej również z 2014 r. (*Genome Announe*), pozwolił Habilitantowi na wyróżnienie nowego gatunku faga phD2B (którego sekwencja genomu została ustalona w procesie sekwencjonowania), infekującego bakterie z rodzaju *Lelliottia*, o nieustalonej przynależności gatunkowej. Wyjątkowym odkryciem Pana dr J. Barylskiego (po przewidzeniu genów kodujących białka) było zidentyfikowanie w genie kodującym białko terminazy (istotnej w procesie składania wirionów potomnych), intronu grupy I, o potencjalnej funkcji regulatorowej ważnej dla biologii ww. faga.

Dalsze badania, dotyczące fagów CDKM9 i CDKM15, infekujących szczepy *Clostridium difficile* (izolacja z irackich próbek gleby), opisane w pracy (Os3) z 2016 r. (*Viruses*), Habilitant

proceeding in cooperation with the Faculty of Medical Sciences of the University of Leicester. Phylogenetic analysis based on whole genome sequencing revealed that the phages differ genetically from each other, but are closely related to other myoviruses with long tails. Comparative genome analysis showed key differences in genes encoding proteins involved in bacterial infection. Moreover, during the research Habilitant in the genome of phage CDKM15 identified a CRISPR locus, containing integrase genes, homologous to the sequence in the genome of the virus CDKM9 and other phages, infecting bacteria *C. difficile*. The above studies may form the basis for the isolation of therapeutic phages from different environments, important in the treatment of infections caused by clinical isolates of *C. difficile*, especially those resistant to antibiotics.

In the next step of research, Dr J. Barylski performed an analysis of the genomes of phages KNP and WRT (subfamily *Autographivirinae*), infecting bacteria of the group *Pseudomonas fluorescens*, which are widespread in different environments. The studies were described in a paper from 2017 (Os. 4, *Archives of Virology*). Habilitant proved that phages KNP and WRT are two isolates of the same species, designated as „viruses *Pseudomonas* KPN”. The genomes of both viruses are characterized by a similar structure, but show differences in the sequence of the region encoding the tail protein, which may present a different host range. Moreover, both phages are genetically similar to phages *Pseudomonas* phiPsa17 (genomic identity of phage KNP at the level of 93.1%, and WRT 93.9%) and gh-1 (both phages show 87% identity of the sequence), which belong to the T7 virus species. Detailed analysis of the results obtained by Habilitant indicates that this species is significantly more differentiated than other currently confirmed species from the subfamily *Autographivirinae*. In connection with the above, Dr J. Barylski justifiably points to the fact that this taxon can be divided and it is worth considering the creation of a new species „virus Gh1” (grouping phages *Pseudomonas*, similar to the T7 virus).

In the next stage of research, Habilitant focused on the characteristics of phages Str01 and Str03, infecting the bacterium *Streptococcus pyogenes* of group A, in cooperation with the Laboratory of Molecular Bacteriophage IIDT PAN (Wrocław). The studies were conducted in a paper *PLOS ONE*, 2018 (Os. 5). It is worth noting that the genomic sequences of the above phages are the result of gene transfer between phages and prophages, and therefore cannot be assigned to any known taxonomic group. In the genome of phage Str01 Habilitant identified genes encoding holin proteins, performing the function of „molecular clock”, related to the maturation of virions. On the other hand, in the genome of phage Str03 Dr J. Barylski identified the presence of the toxin-antitoxin cassette HicA/B („module of dependence”), influencing the survival of the host cell after the loss of the phage.

The final object of research by Habilitant was the phage Thurquoise (subfamily *Bastillevirinae*), which is a distant relative of the phage phiAGATE and infects the bacterium *Bacillus thuringiensis*, belonging to the group of bacteria *B. cereus*. (Os.6, *Frontiers in Microbiology*, 2023). The virus was isolated from soil by Prof. M. Łukaszewicz from the University of Wrocław. The genome of this phage was sequenced and assembled into a single contiguous contig, containing 226 predicted genes encoding proteins and 18 tRNA fragments. Cryo-electron microscopy revealed that

Thurquoise ma złożoną strukturę wirionu typową dla *Bastillevirinae*. Poza morfologią i biologią również budowa genomu faga była charakterystyczna dla rodzaju fagów *Caeruleovirus* (podrodzina *Bastillevirinae*, rodzina *Herelleviridae*). Cenną informacją uzyskaną na podstawie analizy genomu ww. faga jest stwierdzenie obecności sekwencji powtórzonych – miejsca rozcinania konkatamerów do pojedynczych fagowych kopii genomu.

Ostatecznie, Habilitant przystąpił do reorganizacji systematyki bakteriofagów. Badania wykonane w ramach pracy opublikowanej w czasopiśmie *PLOS ONE* w 2014 r. (Os1) były wstępem do dalej prowadzonych analiz. Habilitant w tym artykule zwrócił uwagę na to, że obowiązująca dotąd systematyka podrodziny *Spounavirinae* nie daje możliwości zobrazowania różnorodności spokrewnionych fagów. Teza postawiona przez Pana dr J. Barylskiego została przedstawiona i poparta szeregiem dowodów w pracy z 2020 r. (Os 7, *Systemic Biology*). Na szczególną uwagę zasługuje fakt **utworzenia nowej rodziny wirusów *Herelleviridae*, a także pięć nowych podrodziny i siedem nowych rodzajów** w miejsce dawnej podrodziny *Spounavirinae* przez Habilitanta. Powyższe prace Pan dr J. Barylski wykonywał jako członek Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów (ICTV), a wraz z jej członkami przygotował pracę przedstawiającą strukturę, biologię i znaczenie rodziny *Herelleviridae* (Os 8, *Journal of General Virology*). Wyżej wskazane działania były **podstawą reorganizacji systematyki fagów „ogoniastych”**, która została dostosowana do wymogów ery post-genomowej co według mnie jest **wyjątkowym osiągnięciem Habilitanta**. Na podstawie wykonanych analiz, poza **likwidacją rodzin o znaczeniu historycznym (*Siphoviridae*, *Podoviridae* i *Myoviridae*)**, wyróżniono **dziesiątki nowych rodzajów i setek gatunków wirusów**.

W ramach prowadzonych badań (Os 1) Habilitant wykorzystał szeroką gamę metod uzupełniających, w tym genomikę porównawczą, analizę genomu rdzeniowego i filogenetykę genu markerowego dla wykazania, że grupa wirusów związanych z fagami *Bacillus* SPO1, wcześniej sklasyfikowana w podrodziny *Spounavirinae*, wyraźnie różni się od innych członków rodziny *Myoviridae* i jej różnorodność zasługuje na miano rodziny autonomicznej. W związku z tym **usunięto tę grupę z rodziny *Myoviridae* i utworzono rodzinę *Herelleviridae*** jako nowy takson tej samej rangi. W procesie oceny taksonu zbadano użyteczność różnych kryteriów demarkacji i krytycznie oceniono przydatność wykorzystanych metod klasyfikacji fagów. Zbieżność wyników, rysująca spójny i kompleksowy obraz nowej rodziny wraz z powiązanymi podrodziny, niezależnie od metody, pokazuje, że zastosowane tu narzędzia są szczególnie przydatne w taksonomii fagów. W związku z powyższym, utworzenie tej nowej rodziny okazało się kamieniem milowym w kierunku tak potrzebnej **reklasyfikacji klasy fagów *Caudoviricetes***.

Ukoronowaniem działań Habilitanta było jego **zaproszenie do grona ekspertów ICTV** oraz wspólna praca dotycząca oficjalnego stanowisko ww. komitetu w sprawie podstawowych założeń i kierunków rozwoju systematyki wirusów uwieńczona publikacją (Os9, *PLOS Biology*).

Wyniki uzyskanych badań stanowiące osiągnięcie naukowe Pana dr J. Barylskiego oceniam bardzo wysoko. W ramach pierwszego zakresu tematycznego realizowanych badań, dla każdego z **siedmiu opisanych fagów**, Habilitant dokonał gruntownej analizy danych sekwencyjnych i ich powiązań ewolucyjnych, organizacji struktury genomów w odniesieniu do dostępnych baz danych i informacji w nich zawartych. Habilitant wykazał się w tym zakresie

znajomością technik biologii obliczeniowej, molekularnej i ewolucyjnej oraz genomiki. Ponadto, wyniki badań Habilitanta przyczyniły się **do wyróżnienia nowej rodziny *Herelleviridae* fagów ogonkowych** (obejmującej 34 rodzaje i 92 gatunki). Rezultaty badań z pewnością znacząco wzbogacają naszą wiedzę na temat systematyki i klasyfikacji wirusów ogonkowych.

2.3. Podsumowanie oceny osiągnięcia naukowego

Po gruntownej analizie dorobku naukowego Pana dr J. Barylskiego stwierdzam, że pod względem merytorycznym, jak i bibliometrycznym spełnia on wymagania ustawowe. W związku z powyższym nie mam żadnych zastrzeżeń odnośnie do wyboru zbioru publikacji, stanowiącego osiągnięcie naukowe Habilitanta. Jest on zwarty, spójny tematycznie i ma istotny wpływ na rozwój dyscypliny naukowej prowadzonej przez Habilitanta.

3. Ocena istotnej aktywności realizowanej w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej, w szczególności zagranicznej

Pan dr J. Barylski w toku realizowanych badań składających się na osiągnięcie naukowe i pozostałe osiągnięcie wykazał się także umiejętnościami nawiązywania szeroko zakrojonej współpracy i prowadzenia różnorodnych działań naukowo-badawczych z różnymi naukowcami, pochodzącymi z ośrodków krajowych i zagranicznych, wzbogacając w ten sposób swoje umiejętności i warsztat naukowy o nowe techniki i metody. Potwierdzeniem prowadzonej współpracy są **publikacje w liczbie 34** (w tym jedna przed uzyskaniem stopnia doktora i 9 składających się na osiągnięcie naukowe) z lat **2009-2023**.

W ramach współpracy z ośrodkami krajowymi można wyróżnić badania Habilitanta prowadzone wspólnie z grupą badawczą, kierowaną przez dr Andrzeja Zielińskiego z Zakładu Biologii Obliczeniowej Wydziału Biologii UAM (P19), zespołem Zakładu Wirusologii Molekularnej UAM, kierowanym przez prof. dr hab. Roberta Nawrota (P10, P21, P25), zespołem prof. Aleksandry Obrępańskiej-Stęplowskiej z Instytutu Ochrony Roślin Państwowego Instytutu Badawczego w Poznaniu (P7), zespołem Biologii Molekularnej Bakteriofagów Instytutu Immunologii i Terapii Doświadczalnej Polskiej Akademii Nauk (IITD PAN) (P24), ekspertami z dziedziny hydrobiologii i biochemii sinic z Wydziałów Biologii UAM oraz Biochemii Uniwersytetu Jagiellońskiego (UJ) (P6, P8), badaczami z zakresu filogenetyki, taksonomii, biologii ewolucyjnej i fizjologii zwierząt na Wydziale Biologii UAM (P3, P11, P13). W ramach tych współprac wyodrębnić można 5 nurtów badawczych składających się na zainteresowania i pasje naukowe Habilitanta, które cały czas prężnie rozwija.

Poza polskimi jednostkami naukowymi Habilitant realizował swoją działalność naukową poprzez podjęcie współpracy z jednostkami zagranicznymi, tj.:

- 1) 2014 r., **zaproszenie** przez prof. Andrew M. Kropińskiego (ówczesny przewodniczący Podkomisji do Spraw Wirusów Bakterii i Archeonów) **do udziału w pracach ICTV**. Habilitant prowadził prace zmierzające do reorganizacji systematyki wirusów bakteryjnych,

- opisanych w artykułach (Os7, Os8, Os9). Jako kierownik grup badawczych wirusów *Bacillus* i wirusów z rodziny *Herelleviridae* Habilitant był także współautorem dorocznych raportów Podkomisji do Spraw Wirusów Bakterii i Archeonów (P9, P12, P14, P17, P20, P25).
- 2) 2015 r., **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 Habilitant pod kierunkiem prof. Marthy R.J. Clokie prowadził prace dotyczące bakteriofagów *Clostridioides*, które zostały opublikowane (Os3, P15).
 - 3) 2015 r.; **2-miesięczny staż badawczy** w IITD PAN (Wrocław). Podczas tego wyjazdu Habilitant prowadził 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 wspólnym artykułem (P24) oraz zgłoszeniem patentowym.
 - 4) 2017 r., **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 prof. 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.
 - 5) 2021 r., **nawiązanie współpracy** z zespołem dr Roacha i prof. Edwardsa z Akceleratora do spraw Eksploracji Mikrobiomu Uniwersytetu Flindersa w Adelajdzie (Australia), wspólna praca miała na celu ocenę jakości przewidywań różnych programów służących do wykrywania profagów w genomach bakterii, co zaowocowało publikacją (P22).
 - 6) Od 2021 r. **współpraca** z zespołem dr 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 opisano nowy program wykorzystujący uczenie maszynowe do przewidywania interakcji wirusów i ich gospodarzy (Rafach).
 - 7) 2021 r., **nawiązanie współpracy** z prof. Dariuszem Dzigią z Pracowni Metabolomiki UJ w Krakowie. Wspólne badania dotyczą bakterii zdolnych do rozkładu toksyn sinicowych. Wyniki tej współpracy opisano w artykułach naukowych (P8, P16).

Podsumowując, Pan dr J. Barylski ma w swoim **dorobku 6 współprac z ośrodkami krajowymi i 13 współprac z międzynarodowymi ośrodkami naukowymi** (w tym odpowiednio 6 podjętych w ramach realizacji osiągnięcia naukowego), **1 krajowy 2-miesięczny staż naukowy i 2 staże badawcze (odpowiednio, 1- i 3-miesięczny) w ośrodkach zagranicznych.**

4. Ocena pozostałego dorobku naukowego

Przedstawiony przez Pana dr J. Barylskiego dorobek naukowy jest bardzo zróżnicowany. Poza tematyką realizowaną w ramach osiągnięcia naukowego Habilitant wykazuje się szeregiem innych działań badawczych, których tematyka nie jest bezpośrednio związana z genomiką i filogenetyką fagów rzędu *Caudoviricetes*. W tym kontekście wyróżnić można **24 prace naukowe z lat 2013-2023** (po uzyskaniu stopnia doktora). W ramach powyższej tematyki można wyodrębnić kilka zasadniczych nurtów, takich jak np.:

- 1) **Wykorzystanie metod genetyki bakteriofagów do projektowania algorytmów bioinformatycznych.** 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. Współdziałł w przygotowaniu serwisu internetowego PHD (Phage and Host Daily), publikującego aktualne statystyki dotyczące znanych oddziaływań bakteriofagów i ich gospodarzy w kontekście obowiązującej taksonomii wirusów i bakterii. Pomoc w projektowaniu testów sprawdzających jakość przewidywań programu RaFAH i ocenie jakości przewidywań różnych programów do wykrywania profagów w genomach bakterii.

Przykład tego zakresu działań mogą stanowić następujące publikacje:

- 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). (P18)
- Zielezinski A, **Barylski J**, Karlowski WM. Taxonomy-aware, sequence similarity ranking reliably predicts phage–host relationships. *BMC Biol*. 2021;19(1):223. (P19)
- 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. (P23)
- 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. (P22)

- 2) **Badanie białek i peptydów o potencjalnym zastosowaniu medycznym.** Identyfikacja enzymów o właściwościach bakteriobójczych oraz opracowanie metodyki izolacji enzybiotyków (enzymów przeciwdrobnoustrojowych wytwarzanych przez fagi) bezpośrednio z metagenomów izolowanych ze środowiska (potencjalne zastosowanie w weterynarii i biotechnologii) **w ramach grantu NCBiR (lider projektu: EcoZybiotics). Identyfikacja nowej endolizyny zabijającej bakterie z rodzaju *Rothia* (wniosek patentowy z IITD PAN, Wrocław).** Analiza peptydów o właściwościach przeciwdrobnoustrojowych i penetrujących komórkę.

Przykład tej tematyki mogą stanowić prace:

- 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. (P24)
- Nawrot R, **Barylski J**, Nowicki G, Broniarczyk J, Buchwald W, Goździcka-Józefiak A. Plant antimicrobial peptides. *Folia microbiologica*. 2014;59:181-196. (P4), praca przeglądowa
- 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. (P25B), praca przeglądowa

- 3) **Wykorzystanie metod transkryptomicznych i proteomicznych do badania mechanizmów obrony roślin.** Wyjaśnienie mechanizmów odporności roślin leczniczych na atak patogenu. Analiza proteomu soku mlecznego glistnika jaskółcze ziele, rośliny zielarskiej o zastosowaniu w medycynie konwencjonalnej i tradycyjnej. Analiza białka taumatynopodobnego u kokoryczy pustej w ramach badań odpowiedzi roślin na atak patogenów.

W tej tematyce można wyróżnić następujące prace:

- 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 -infected plants. *Frontiers in Plant Science*. 2015;6:903. (P7)
- 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. (P10)
- 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. (P21)

- 4) **Badania oddziaływań mikroorganizmów w ekosystemach słodkowodnych.** Molekularna i bioinformatyczna analiza składu gatunkowego bakterii heterotroficznych. Badania nad bakteriami zdolnymi do rozkładu toksyn sinicowych.

W tej tematyce można wyróżnić następujące prace:

- 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. (P6)
 - 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. (P8)
 - Dziga 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. (P16)
- 5) **Filogenetyka, filogenomika i biologia ewolucyjna organizmów eukariotycznych.** Badania ewolucji i genetyki populacyjnej mchów i roślin nagonasiennych.

W tym nurcie mieszczą się następujące prace:

- 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. (P3)
- Slocinska M, **Barylski J**, Jarmuszkiewicz W. Uncoupling proteins of invertebrates: A review. *IUBMB life*. 2016;68(9):691-699. (P11), praca przeglądowa
- 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. (P13)

Na dorobek naukowy Pana dr J. Barylskiego składają się również **rozdziały w monografiach naukowych**. Habilitant jest autorem **4 rozdziałów podręcznika akademickiego** „Wirusologia” pod red. prof. Anny Goździckiej-Józefiak (Wydawnictwo Naukowe PWN, wyd. I 2019 r., wyd. II 2022 r.) i **współautorem jednego rozdziału** „Wykorzystanie wirusów w biotechnologii, biologii molekularnej i inżynierii genetycznej” **oraz aneksu** „Taksonomia wirusów i subwirusowych czynników zakaźnych” (MEiN 80).

W trakcie całej swojej kariery zawodowej Habilitant brał również udział w **krajowych i zagranicznych konferencjach naukowych**. Uczestnictwo w tych wydarzeniach naukowych miało charakter wystąpień w formie referatu, jak i prezentacji posterowych. Łącznie można wykazać **11 aktywności konferencyjnych**, w tym 4 w formie prezentacji posterowych i 2 komunikatów ustnych przed uzyskaniem stopnia doktora oraz 3 prezentacji posterowych i 2 wystąpień ustnych (w tym 1 wykładu na zaproszenie) po uzyskaniu stopnia doktora. Ponadto, Pan dr J. Barylski w **2018 r.** był również **współorganizatorem Konferencji EMBO „Viruses of Microbes” (we Wrocławiu)**.

Po uzyskaniu stopnia doktora, Habilitant był także **recenzentem 4 prac w czasopismach** o zasięgu międzynarodowym tj. *PLOS ONE* (1 praca, 2014 r.), *Virology Journal* (2 prace 2017 i 2020 r.) i *Microbial Ecology* (1 praca, 2020 r.). Poza tym, Pan dr J. Barylski był **redaktorem naukowym wydania specjalnego** (Guest Editor) czasopisma *International Journal of Molecular Sciences* pt. „Bacteriophage Biology: From Genomics to Therapy”.

Od 2014 r. Pan dr J. Barylski jest **członkiem Międzynarodowego Komitetu Taksonomii Wirusów**. W latach 2014-2019 był **kierownikiem grupy badawczej wirusów *Bacillus***, a od 2019 r. **grupy badawczej do spraw wirusów z rodziny *Herelleviridae***. Dodatkowo, w latach 2016-2019, Habilitant był przedstawicielem pracowników naukowych nieposiadających stopnia doktora habilitowanego w radzie Instytutu Biologii Eksperymentalnej.

W latach 2016-2022 (po uzyskaniu stopnia doktora) **badania Habilitanta były współfinansowane ze środków ogólnopolskich** w ramach **2 projektów NCN (PRELUDIUM i SONATA)** i jednego grantu **NCBR LIDER**, gdzie Habilitant był kierownikiem projektu. Pan dr J. Barylski był również kierownikiem **grantu CEDROB „Wspieramy rozwój” (CSR), finansowanego przez firmę prywatną**. Ponadto, w latach 2017-2023 Habilitant był **3 razy opiekunem naukowym grantów studenckich – „BestStudentGRANT” i Study@research** (finansowanych ze środków programu „Inicjatywa doskonałości – uczelnia badawcza”, ID-UB, w latach 2017-2018 i 2022-2023) oraz „Studenckie koła naukowe tworzą inwestycje” (finansowanego ze środków Ministerstwa Edukacji i Nauki, 2020-2021).

Habilitant wykazał się także **współpracą z otoczeniem społecznym i gospodarczym (włączając wnioski patentowe i ekspertyzy)**. Pan dr J. Barylski jest **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 w powstanie ww. wniosku polegał na zaplanowaniu i wykonaniu badań bioinformatycznych, które doprowadziły do odkrycia nowego enzymu (wraz z doktorantką, Sophią Bałdysz). Udział Pana dr Jakuba Barylskiego jako **współtwórcy** tego zgłoszenia został on oceniony na **20%**. Habilitant wykonał również **dwie ekspertyzy** na zamówienie **instytucji publicznych lub przedsiębiorców – firm biotechnologicznych** tj. 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 biopłatów pobieranych od pacjentów (do 200 prób) oraz we wskazanych przez

Zamawiającego bazach danych genomowych” praca wykonana dla IITD PAN we Wrocławiu oraz II/1915-1/07/2020/2020, “Wykonanie badań eksperckich i przeprowadzenie testów laboratoryjnych polegających na walidacji wyników działania narzędzia *in silico* Camino” dla firmy **Camino Science Sp. z o.o.**

Pan dr J. Barylski odbył również **3 staże naukowe, w tym 2 w zagranicznych jednostkach naukowych** w 2015 r. (**miesięczny staż badawczy** w Katedrze Infekcji, Odporności i Stanu Zapalnego, Wydziału Nauk Medycznych, Uniwersytetu w Leicester, Zjednoczone Królestwo Wielkiej Brytanii i Irlandii Północnej; **dwumiesięczny staż badawczy** w IITD PAN we Wrocławiu) i 2017 r. (**trzymiesięczny staż** w Zespole Metagenomiki Uniwersytetu w Utrechcie (Królestwo Niderlandów). Na szczególne wyróżnienie zasługuje także duży udział **Habilitanta w kursach (w liczbie 4, w latach 2011, 2014 i 2017) i warsztatach w latach 2014-2015 (w liczbie 2)** celem podniesienia swoich kwalifikacji zawodowych.

Uwieńczeniem bardzo dużych osiągnięć naukowych Pana dr J. Barylskiego są uzyskane nagrody, w tym **4 nagrody zespołowe III stopnia J.M. Rektora UAM, za osiągnięcia naukowe** (w latach 2014, 2015 i 2017) i **dydaktyczne** (w roku 2022). W 2020 r. Habilitant był także **laureatem Polskiej Nagrody Inteligentnego Rozwoju** („Naukowiec Przyszłości”) oraz **nagrody zespołowej Ministra Edukacji i Nauki** za przygotowanie podręcznika akademickiego pt. „Wirusologia” pod red. prof. A. Goździckiej-Józefiak. W tym samym roku Pan dr J. Barylski uzyskał stypendium ID-UB UAM w Poznaniu. Praca naukowa Habilitanta została także uhonorowana przez **Prezydenta Miasta Poznań (wyróżniającą się praca doktorska)**.

Podsumowując dorobek naukowy Pana dr J. Barylskiego jednoznacznie stwierdzam, że całościowo jest on znaczący i uległ istotnemu powiększeniu od czasu uzyskania stopnia doktora (33 publikacje z lat 2013-2023). Na całkowity dorobek Habilitanta, poza jednym wnioskiem patentowym, składają się **34 prace naukowe** (w tym **1 praca przed uzyskaniem stopnia doktora**) o łącznym współczynniku oddziaływania IF (zgodnie z rokiem opublikowania): **113,4**, a sumaryczna liczba punktów wg listy rankingowej czasopism naukowych MNiSW, zgodnie z rokiem opublikowania wynosi **2033** (sprzed zmiany zakresu punktów w 2017 r.). Liczba cytowań prac Habilitanta (bez autocytowań) wg bazy Web of Science wynosi **954** (zgodnie z rokiem publikacji). Habilitant posiada indeks Hirscha wg Web of Science równy **18, wg listy z 2023 r.** Jednoznacznie stwierdzam, że dorobek naukowy Pana dr J. Barylskiego w każdym z ocenianych aspektów spełnia pod względem formalnym i merytorycznym wymagania stawiane w ustawie o stopniach i tytule naukowym.

5. Ocena dorobku dydaktycznego, organizacyjnego oraz popularyzującego naukę

Pan dr J. Barylski posiada doświadczenie w prowadzeniu ćwiczeń (prowadzący i współprowadzący) i wykładów dla studentów (koordynator i wykładowca) (Metagenomika, Wirusologia, Principles of medical virology, Wirusy w środowisku, Mikrobiologia i Wirusologia, Viruses and Environment, Mikrobiologia przemysłowa) dla kierunku biologia, biotechnologia i bioinformatyka na Wydziale Biologii UAM. Poza tym, Habilitant jest autorem 4 rozdziałów

podręcznika akademickiego “Wirusologia” pod red. prof. dr hab. Anny Goździckiej-Józefiak (wyd. I 2019 r., wyd. II 2022 r.), współautorem jednego rozdziału oraz aneksu.

Od 2019 roku Habilitant jest **promotorem pomocniczym pracy doktorskiej** Pani mgr Sophii Bałdysz pod tytułem „Nowa metoda identyfikacji bakteriofagowych białek litycznych oddziałujących ze ścianą komórkową bakterii”. Był także **promotorem 14 prac licencjackich i 9 magisterskich oraz recenzentem 12 prac licencjackich i 6 magisterskich**. Obecnie jest także **promotorem pracy magisterskiej**. Pełnił również funkcję opiekuna w projektach „Studenckie koła naukowe tworzą innowacje” MEiN 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.

W 2021 r. Pan dr J. Barylski brał udział w pracach zespołu ds. **opracowania programu dla kierunku Bioinformatyka**, funkcjonującego na Wydziale Biologii od 2022 r. Natomiast w latach 2018-2019 organizował **wizyty edukacyjne w niemieckich firmach biotechnologicznych i centrach współpracy naukowo-przemysłowej** dla studentów UAM (w ramach programu NCBR). W latach 2016-2019 był przedstawicielem pracowników naukowych, nieposiadających stopnia doktora habilitowanego w radzie Instytutu Biologii Eksperymentalnej. Natomiast w 2018 r. współorganizował we Wrocławiu konferencję „Viruses of Microbes” (EMBO).

Od 2014 r. Habilitant jest **członkiem ICTV**. W latach 2014-2019 pełnił rolę **kierownika grupy badawczej wirusów *Bacillus***, a od 2019 r. **kieruje grupą badawczą do spraw wirusów z rodziny *Herelleviridae***. Był również kierownikiem **2 projektów NCN (PRELUDIUM i SONATA)** i jednego grantu **NCBR LIDER**. Pan dr J. Barylski był również kierownikiem **grantu CEDROB „Wspieramy rozwój” (CSR), finansowanego przez firmę prywatną**.

W ramach osiągnięć popularyzujących naukę Habilitant współorganizował **warsztaty dla uczniów liceum i szkół podstawowych** w ramach projektu pt. „PAFASE – Partnership for science education”, finansowanego ze środków programu Horizon 2020. W 2015 r. pełnił rolę **konsultanta naukowego wystawy „Pandemia”** Aleksandry Ska w Galerii Sztuki Piekary w Poznaniu. W 2016 i 2018 r. prowadził **wykłady i ćwiczenia promujące Wirusologię dla uczniów klas patronackich** podczas „Dni Akademickich” na Wydziale Biologii UAM. W 2016 r. brał udział w przygotowaniu XIX Poznańskiego Festiwalu Nauki i Sztuki. W 2020 r. uczestniczył w **przygotowaniu wydarzenia popularnonaukowego „Noc Biologów”**. Udzielił również 3 wywiadów dla Życia Uniwersyteckiego, pisma Merkuriusz i portalu „Rzecz o Innowacjach”, promującego rezultaty realizacji projektu pt. „Czy enzybiotyki zastąpią antybiotyki”.

Podsumowując jednoznacznie stwierdzam, że Pan dr J. Barylski wyróżnia się zarówno jako nauczyciel akademicki, jak i pracownik naukowo-badawczy macierzystej Uczelni. Wykazany dorobek dydaktyczny, popularyzatorski oraz organizacyjny spełnia kryteria stawiane kandydatom ubiegającym się o nadanie stopnia doktora habilitowanego.

6. Podsumowanie i wniosek końcowy

Oświadczam, że zestaw 9 publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe przedstawione przez Pana dr Jakuba Barylskiego jest merytorycznie wartościowy i spełnia wymogi stawiane habilitantom. Powyższe prace składające się na niego zostały opublikowane w czasopiśmie z bazy JCR o międzynarodowym zakresie dostępności. Ponadto, przedstawiony dorobek został zdecydowanie poszerzony pod względem dorobku naukowego, jak i warsztatu badawczego po uzyskaniu stopnia naukowego doktora. Pozostały dorobek Habilitanta jest również bogaty i wartościowy. Pan dr Jakub Barylski wyniki badań prezentował na różnych konferencjach krajowych i zagranicznych. Wykazał się również dobrym dorobkiem dydaktycznym oraz osiągnięciami w zakresie działalności organizacyjnej i popularyzującej naukę.

Ostatecznie oświadczam, że osiągnięcie naukowe Pana dr Jakuba Barylskiego ubiegającego się o nadanie stopnia doktora habilitowanego **spełnia** wszelkie wymagania określone w art. 219 ust. 1 pkt. 2 Prawa o Szkolnictwie Wyższym i Nauce (t.j. Dz.U.2023 poz. 742). W związku z powyższym **pozytywnie opiniuję wniosek Pana dr Jakuba Barylskiego o nadanie stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauk biologicznych.**

Gdańsk, 21.03.2024 r.



dr hab. Beata Zalewska-Piątek, prof. uczelni