

Warszawa 21.02.2024

**Recenzja rozprawy habilitacyjnej doktora Romana Jaksika pt: „Analiza i modelowanie dynamiki procesów zachodzących w żywych komórkach, w stanie zdrowia i w chorobie, z wykorzystaniem danych omicznych”**

Dr Jaksik jest specjalistą w dziedzinie bioinformatyki oraz biologii obliczeniowej. W swojej pracy badawczej stosuje zaawansowane metody bioinformatyczne na podstawie wieloprzepustowych danych z sekwencjonowania nowej generacji w celu zrozumienia dynamiki procesów komórkowych i międzykomórkowych, w tym nowotworzenia. Kandydat nie ubiegał się poprzednio o nadanie stopnia doktora habilitowanego.

Dr Jaksik od początku swojej kariery naukowej jest związany z Wydziałem Automatyki, Elektroniki i Informatyki Politechniki Śląskiej w Gliwicach. Tam w 2008 r otrzymał magisterium w dziedzinie Automatyki i Robotyki, a w 2013 r stopień doktora nauk technicznych na podstawie rozprawy „Analiza procesów regulacji ekspresji genów w komórkach poddanych działaniu promieniowania jonizującego”. Obecnie jest adiunktem w Katedrze Inżynierii i Biologii Systemów, gdzie prowadzi zajęcia dydaktyczne w zakresie informatyki oraz biologii systemów. Warto nadmienić, że kandydat odbył cztery miesięczne staże w renomowanych uczelniach w Stanach Zjednoczonych, w tym trzy po uzyskaniu stopnia doktora.

Dr Jaksik jest autorem bądź współautorem 76 pozycji indeksowanych w Web of Science, o łącznej ilości cytowań 856 oraz indeksie Hirsha 15 (63 pozycji indeksowanych przez Scopus, h-index 16, 971 cytowań - informacja z dnia 05.02.2024). Są to bardzo dobre wskaźniki bibliograficzne, a na specjalną uwagę zasługują publikacje w prestiżowych czasopismach takich jak *Cell Stem Cell* i *Cell Reports*, wchodzące w skład osiągnięcia habilitacyjnego, czy też *Elife*. Dr Jaksik jest laureatem stypendiów Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego dla wybitnych młodych naukowców (2015) oraz doktorantów (2013), Fundacji na rzecz Nauki Polskiej w programie START dla młodych naukowców (2015). W charakterze wykonawcy brał udział łącznie w 14 projektach (7 po uzyskaniu stopnia doktora) NCN oraz NCBiR (realizowanych we współpracy w przemyśle). Na szczególną uwagę zasługuje kierowanie projektami badawczymi NCN Sonata 12 pt. „Opracowanie metod korekcji obciążenia

*pomiarów poziomu ekspresji genów*” (2017-2022), oraz NCN Preludium 1 na realizację pracy doktorskiej (2011-2013). Dr Jaksik regularnie prezentuje wyniki swoich badań na krajowych i zagranicznych konferencjach oraz był członkiem w komitetów organizacyjnych konferencji. Dr Jaksik opiekował się już dwoma doktorantami (prace złożone w 2023). Wszystkie powyższe dane świadczą o doskonałych osiągnięciach oraz wysokiej dojrzałości naukowej kandydata.

W skład osiągnięcia habilitacyjnego wchodzi cykl 13 publikacji naukowych, o sumarycznym IF (ang: *Impact Factor*) 92 oraz liczbie cytowań 278 w bazie WoS (w dniu 05.02.2024). W tym cyklu Dr. Jaksik jest pierwszym bądź dzielonym pierwszym autorem 7 publikacji, w pozostałych miał znaczący udział odzwierciedlony przez współautorstwo.

Cykl publikacji stanowi połączenie prac metodologicznych oraz wdrożeniowych o dość szerokiej tematyce, opartej o analizę danych pochodzących z sekwencjonowania nowej generacji, w tym genomiki i transkryptomiki, czy też proteomiki. W skrócie, kandydat wykorzystuje dane omiczne do zrozumienia mechanizmów regulacji oraz identyfikacji biomarkerów i potencjalnych celów terapeutycznych, z uwzględnieniem chorób nowotworowych. Dane eksperymentalne zostały uzyskane przy współpracy z naukowcami w jednostce macierzystej, kraju i na świecie. Należy tu zaznaczyć współpracę z renomowanymi jednostkami badawczymi i klinicznymi w Stanach Zjednoczonych (Baylor College of Medicine, MD Anderson Cancer Center, St. Jude Children's Research Hospital, Columbia University, Cleveland Clinic) oraz w kraju (Instytut Genetyki Człowieka PAN, Narodowy Instytut Onkologii im. M. Skłodowskiej-Curie w Gliwicach, Gdański Uniwersytet Medyczny). Świadczy to o szerokich kontaktach naukowych kandydata jak również o jego rozpoznawalności w środowisku badawczym.

Cykl publikacji przedstawia wiele istotnych wyników dotyczących procesów nowotworzenia oraz innych procesów biologicznych, np. funkcji tlenu w regulacji ekspresji genów, procesu interferencji RNA oraz ewolucji wirusa SARS-CoV-2. O znaczeniu tych wyników świadczą publikacje w renomowanych czasopiśmie, potwierdzające znaczny wkład habilitanta w rozwój inżynierii biomedycznej. Na osobne wspomnienie zasługuje szereg prac wchodzących w skład osiągnięcia habilitacyjnego, m.in., praca Jaksik et al., *BMC Biology*, gdzie autor w bardzo nowatorski sposób używa danych genomicznych do analizy procesu replikacji DNA na podstawie miejsc mutacji związanych z polimerazą epsilon, jak również prace dotyczące

kontroli jakości danych eksperymentalnych (Jaksik et al., *Biology Direct*; Jaksik et al., *Genomics*; Jaksik et al., *Sensors*). Praca Bondaruk and Jaksik et al., iScience przedstawia analizę różnicowania raka pęcherza moczowego przy użyciu mapowania całego narządu. Prace Drobna et al., *Genes Chromosomes and Cancer* oraz Dawidowska et al., *Neoplasia* przedstawiają analizę procesów związanych z regulacją miRNA u pacjentów z ostrą białaczką limfoblastyczną. Praca Mura & Jaksik et al., *BMC Genomics* przedstawia model matematyczny, który w nowatorski sposób przewiduje interakcje miRNA-mRNA w komórkach nowotworowych poddanych promieniowaniu. Prace Florez et al. (*Cell Reports*, 2020) oraz Hormaechea-Agulla et al. (*Cell Stem Cell*, 2021) dotyczą regulacji hematopoetycznych komórek macierzystych poprzez interferon  $\gamma$  oraz starzenie, o znaczeniu tych wyników świadczą publikacje w czasopiśmie z najwyższej półki.

Według mnie, nie ma wątpliwości, że będąc częścią większego zespołu badawczego kandydat miał wiodący bądź kluczowy wkład w powstanie prac przedstawianym w cyklu publikacji. Odpowiada to charakterowi badań, w których skomplikowane dane omiczne wymagają analizy informatycznej bądź modelowania, w celu interpretacji wyniku lub weryfikacji hipotezy. O wysokiej jakości „warsztatu” oraz istotnym wkładzie kandydata w rozwój dziedziny dodatkowo świadczy:

- po pierwsze tworzenie zaawansowanych i nowatorskich metod analizy bądź algorytmów, np. służących identyfikacji początków replikacji DNA w oparciu o wzorce mutacji (Jaksik et al., *BMC Biology*), raczej niż bazowaniu na standardowych protokołach,
- po drugie, użycie bardzo zróżnicowanych metod badawczych łączących modelowanie matematyczne, zaawansowaną statystykę czy informatykę, co dobrze ilustruje zaproponowany kompleksowy model interakcji mRNA-mRNA w odpowiedzi na promieniowanie w komórkach czerniaka (Mura et al., 2019, *BMC Genomics*),
- po trzecie, zaangażowanie w tematykę kontroli jakości danych, tj. zrozumienie wpływu czynników technicznych na uzyskane dane i wyniki analizy w badaniach opartych na sekwencjonowaniu RNA oraz mikromacierzy oligonukleotydowych (Jaksik et al., *Biology Direct*; Jaksik et al., *Genomics*; Jaksik et al., *Sensors*),
- po czwarte, aktywne uczestnictwo procesie projektowania procesów biologicznych (np. Jaksik et al., *Sensors*), świadczące o doskonałym zrozumieniu przez kandydata procesów biologicznych oraz niuansów biologii doświadczalnej.

Na podstawie powyższej analizy, stwierdzam ze dorobek naukowy dr Romana Jaksika jednoznacznie spełnia wymogi stawiane przy nadawaniu stopnia doktora habilitowanego w art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy- Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, i wnioskuje o dopuszczenie kandydata do dalszych etapów postepowania habilitacyjnego.

Z poważaniem



dr. hab. inż. Paweł Paszek  
Zakład Biosystemów i Miękkiej Materii  
Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN (IPPT PAN)  
ul. Pawińskiego 5b, 02-106 Warszawa  
tel: (+48) 22 826 12 81 wewn.: 161, email: [ppaszek@ippt.pan.pl](mailto:ppaszek@ippt.pan.pl)