

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 czasopiśmie 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 "konawcy 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, ND 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 czasopismach, 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., Biolog 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 oraz starzenie, o znaczeniu tych wyników świadczą publikacje w czasopismach 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 że 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 postępowania habilitacyjnego.

Z poważaniem

Podpisał Paweł Paszek (podpis odręczny)

dr. hab. inż. Paweł Paszek

Zakład Biosystemów i Miękkiej Materii

Instytut Podstawowych Problemów Techniki PAN (IPPT PAN)