

Dr hab. inż. Barbara Dębska, prof. PRZ
Zakład Biotechnologii i Bioinformatyki
Wydział Chemiczny
Politechnika Rzeszowska

Rzeszów, 28.12.2021

Recenzja dorobku naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego

Dr inż. Witolda Władysława Dyrki

w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego

w dziedzinie **Nauki inżynieryjno-techniczne**

w dyscyplinie **Inżynieria Biomedyczna**

na podstawie jednotematycznego cyklu publikacji pt.

**„Bioinformatyczna charakteryzacja i modelowanie
amyloidów sygnałowych w układzie odpornościowym grzybów
i bakterii wielokomórkowych”**

Podstawa opracowania recenzji:

Formalną podstawą opracowania recenzji jest pismo Przewodniczącego Rady Dyscypliny Inżynieria Biomedyczna Politechniki Śląskiej Pana prof. dr hab. inż. Marka Gzika z dnia 28.10.2021 wystosowane w związku z decyzją Rady Doskonałości Naukowej (pismo nr Z2.4000.81.2021.4.IB), powierzającą mi funkcję recenzenta w postępowaniu habilitacyjnym dr inż. Witolda Władysława Dyrki.

Podstawę merytoryczną opracowania recenzji stanowił wniosek Habilitanta do Rady Dyscypliny Inżynieria Biomedyczna Politechniki Śląskiej o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego wszczętego w dniu 1 czerwca 2021 roku. Materiały o habilitancie zostały udostępnione na nośniku elektronicznym, częściowo w formie drukowanej i zawierały następujące załączniki:

Załącznik 1 – wdyrka_dane_pl.pdf, dane personalne i kontaktowe Habilitanta (w języku polskim)

Załącznik 2 – wdyrka_dane_en.pdf, dane personalne i kontaktowe Habilitanta (w języku angielskim)

Załącznik 3 – wdyrka_wniosek_pl.pdf, wniosek o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego (w języku polskim)

- Załącznik 4 – wdyrka_wniosek_en.pdf, wniosek o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego (w języku angielskim)
- Załącznik 5 – wdyrka_dyplom_doktorski.pdf, potwierdzona kopia dyplomu doktorskiego
- Załącznik 6 – wdyrka_autoreferat_pl.pdf, autoreferat (w języku polskim)
- Załącznik 7 – wdyrka_autoreferat_en.pdf, autoreferat (w języku angielskim)
- Załącznik 8 – wdyrka_wykaz_pl.pdf, wykaz osiągnięć naukowych (w języku polskim)
- Załącznik 9 – wdyrka_wykaz_en.pdf, wykaz osiągnięć naukowych (w języku angielskim)
- Załącznik 10 – wdyrka_staz_inria.pdf, poświadczenie odbycia stażu w Centre de recherche Inria Bordeaux - Sud Ouest, Institut national de recherche en sciences et technologies du numérique (Inria), Talence, Francja (2013-2014)
- Załącznik 11 – wdyrka_staz_cnrs.pdf, poświadczenie odbycia stażu Instytucie Biochemii i Genetyki Komórkowej (IBGC) CNRS w Bordeaux (2015)
- Załącznik 12 – wdyrka_decyzja_grant.pdf, decyzja NCN o przyznaniu finansowania dla grantu badawczego w ramach konkursu SONATA (2015)
- Załącznik 13 – katalog *publikacje*, zawierający kopie 7 publikacji stanowiących podstawę wniosku o ubieganie się o stopień doktora habilitowanego
- Załącznik 14 – katalog *oświadczenia*, zawierający oświadczenia współautorów siedmiu publikacji wykazanych w załączniku nr 13

Dokonując oceny dokumentacji składającej się z w/w załączników stwierdzam, że dostęp do niej jest łatwy oraz, że została ona przygotowana w sposób przejrzysty, umożliwiający ocenę naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego dorobku Habilitanta, uzyskanego w trakcie Jego pracy zawodowej w Politechnice Wrocławskiej. Habilitant dokonał rozdziału osiągnięć na okres przed uzyskaniem stopnia doktora oraz po jego uzyskaniu, co jest ważne przede wszystkim z uwagi na fakt, że praca doktorska stanowiła bazę do dalszego rozwoju obranej przez Niego tematyki naukowej.

1. Przebieg pracy kształtujący sylwetkę naukową Habilitanta

Dr inż. **Witold Władysław Dyrka** ukończył studia na Wydziale Elektroniki Politechniki Wrocławskiej uzyskując w 2005 roku dyplom magistra inżyniera informatyki. Ponadto, w roku 2006 ukończył studia na Wydziale Podstawowych Problemów Techniki Politechniki Wrocławskiej uzyskując tytuł magistra inżyniera fizyki technicznej (specjalność inżynieria biomedyczna). Ukończone wcześniej studia informatyczne i nabyta umiejętność

programowania w różnych językach zapewne ułatwiła Habilitantowi specjalizowanie się w rozwiązywaniu zagadnień z dziedziny inżynierii biomedycznej.

Bezpośrednio po studiach (2006-2007) Kandydat wyjechał na roczny staż do Londynu, gdzie podjął pracę na Wydziale Informatyki i Matematyki Kingston University jako asystent dydaktyczny. Habilitant podaje również, że w 2007 roku uzyskał na tym wydziale stopień Master of science (research). W przesłanych materiałach brak informacji czy uzyskanie stopnia poprzedzały studia, czy było to nostryfikowanie polskiego dyplomu poprzedzone uznaniem polskiego dyplomu przez NARIC (National Recognition Information Centre), niezbędne do podjęcia pracy naukowo-dydaktycznej na uczelni brytyjskiej. Zapewne jednak, uzyskanie brytyjskiego dyplomu pozwoliło Habilitantowi na prowadzenie zajęć dydaktycznych i udział w pracach badawczych KU, przygotowujących go do badań, które stały się podstawą doktoratu. Współpraca Kandydata z brytyjską uczelnią była kontynuowana przez kilka kolejnych lat i zao-wocowała trzema wspólnymi publikacjami (dwie z nich ukazały się w latach 2008 i 2009, a więc przed uzyskaniem stopnia doktora, a ostatnia w roku 2013). W artykule, który ukazał się w roku 2008 współautorem był prof. Andy T. Augousti, pracownik naukowy w/w instytutu w którym Habilitant odbywał staż, specjalizujący się m.in. w komputerowej implementacji rozwiązania modelu Nernsta-Plancka-Poissona i zastosowania go do badania przepływu jonów przez kanały membranowe. Natomiast, współautorem dwóch kolejnych publikacji był prof. Jean-Christophe Nebel z UK, który podobnie jak grupa pani prof. M. Kotulskiej z Politechniki Wrocławskiej, badał (w latach 2007-2013) możliwości zastosowania gramatyk formalnych do modelowania struktury przestrzennej (3D) membran białkowych.

W latach 2007-2011 Kandydat był doktorantem w Instytucie Inżynierii Biomedycznej i Pomiarowej na Wydziale Podstawowych Problemów Techniki, Politechniki Wrocławskiej. Wykorzystując nabytą wiedzę na temat zagadnień lingwistyki komputerowej oraz zdobyte umiejętności tworzenia algorytmów i programów komputerowych do komputerowej analizy sekwencji białkowych, przeprowadził badania, przygotował i obronił (z wyróżnieniem) w roku 2012 pracę doktorską nt. *”Structure prediction of a protein channel based on probabilistic formal grammars and the continuous ion flow model”*. Promotorem w przewodzie doktorskim była pani prof. dr hab. inż. Małgorzata Kotulska a recenzentami profesorowie prof. dr hab. inż. Juliusz Kulikowski oraz prof. dr hab. inż. Andrzej Polański.

Cztery publikacje z wyników badań omówionych w rozprawie doktorskiej ukazały się w latach 2008-2013. W dwóch artykułach analizowany był model Nernsta-Plancka-Poissona, stosowany do opisu elektrodyfuzji w cienkich membranach, pozwalający na otrzymanie profili stężeń i modelowanie

potencjału wewnątrz membrany. Do zespołu badawczego został włączony student PWr (M.M. Bartuzel), który pod opieką Kandydata przeprowadził obliczenia wg zaprojektowanego modelu i został uwzględniony jako współautor publikacji [A03 (2013)], która ukazała się już po doktoracie.

Habilitant przez cały okres zatrudnienia (2007 - obecnie) był związany z Wydziałem Podstawowych Problemów Techniki Politechniki Wrocławskiej będąc najpierw doktorantem (2007 - 2011), później (2012 - 2016) asystentem naukowo badawczym i w latach (2016 – 2019) adiunktem naukowym. Obecnie, tzn. od 2019 r., jest zatrudniony jako adiunkt badawczo-dydaktyczny.

Po uzyskaniu stopnia doktora, dwa lata (2012-2014) spędził jako post-doktorant, angażując się czynnie w prace Team MAGNOME, Centre de recherche Inria Bordeaux - Sud Ouest, Institut national de recherche en sciences et technologies du numérique (Inria), Talence, Francja. Odbył również staż w Team Non-Self Recognition in Fungi, Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires (UMR 5095), CNRS, Bordeaux, Francja (2015). Rezultatem pobytu na francuskich uniwersytetach były badania, których wyniki zostały opublikowane w pięciu publikacjach [C1, C2, C3, C5, C6], których współautorem jest W. Dyrka i które należą do recenzowanego osiągnięcia naukowego. W jednym z tych artykułów [C5] dr Dyrka jest określony jako corresponding author, a Politechnika Wroclawska jako jednostka dysponująca reprintem publikacji. Pozostałe dwa artykuły z omawianego cyklu [C4, C7] mają afiliację jedynie Politechniki Wrocławskiej i Habilitant jest w nich wskazany jako autor do którego należy wysyłać zapytania odnośnie przedstawionych tez oraz prośby o ewentualną kopię publikacji.

W podsumowaniu przedstawionych podstawowych danych o kandydacie można stwierdzić, że cała działalność naukowa dr inż. Witolda Dyrki mieści się w dziedzinie Nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie Inżynieria Biomedyczna. Obszar zainteresowań naukowych wymagał od Habilitanta wiedzy interdyscyplinarnej z takich dziedzin jak informatyka oraz bioinformatyka i studia, a także odbyte przez niego staże naukowe dobrze przygotowały Go do pracy w zespołach badawczych zajmujących się ogólnie pojętą bioinformatyką.

2. Informacja o obowiązujących przepisach prawa

Wymagania odnośnie przygotowania recenzji zostały określone w art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (j. t. Dz. U. 2020 r. poz. 85, z późn. zm.). W recenzji uwzględniono również zapisy Regulaminu w zakresie nadawania stopnia doktora habilitowanego, obowiązującego w Politechnice Śląskiej od dnia 16 grudnia 2019 r.

3. Ocena osiągnięć naukowych Habilitanta

3a) Tytuł osiągnięcia naukowego stanowiący podstawę ubiegania się w aktualnym postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego

„Bioinformatyczna charakteryzacja i modelowanie amyloidów sygnałowych w układzie odpornościowym grzybów i bakterii wielokomórkowych”

3b) Wskaźniki scjentometryczne dorobku naukowego

Habilitant w opisie swoich osiągnięć wykazał, że wyliczone wartości współczynnika Impact Faktor wg roku ukazania się publikacji i przy podaniu średniej wartości tego współczynnika nie różnią się istotnie. Zatem, poniższe obliczenia wykonano dla wartości średniej z ostatnich pięciu lat (5-IF). Również dorobek punktowy oceniono zgodnie z propozycjami ministerstwa MEiN opublikowanymi jako ”Załącznik do komunikatu Ministra Edukacji i Nauki z dnia 9 lutego 2021 r.”.

Statystyka bibliometryczna Habilitanta przedstawiona została w tabeli obliczeniowej:

Dorobek naukowy Witold Dyrka 18.12.2021

Czasopismo	liczba publikacji	punktacja 5 year	punktacja MEiN
1 BMC BIOINFORMATICS JOURNAL OF MOLECULAR	3	3,629	100
2 BIOLOGY	1	5,826	140
3 PEERJ	1	3,369	100
4 MEDICAL IMAGE ANALYSIS	1	11,220	200
5 FRONTIERS IN MICROBIOLOGY PROTEINS-STRUCTURE FUNCTION	1	6,320	100
6 AND BIOINFORMATICS	2	2,752	100
7 SCIENTIFIC REPORTS GENOME BIOLOGY AND	1	5,134	140
8 EVOLUTION	1	4,079	100
9 BIOPHYSICAL JOURNAL ALGORITHMS FOR MOLECULAR	2	4,109	100
10 BIOLOGY JOURNAL OF COMPUTATIONAL	1	1,608	70
11 CHEMISTRY	1	3,568	100
suma:	15	65,733	1650,00
średnia:		4,382	110

	Ogółem	po doktor.	% cytowań
Liczba cytowań =	200	159	ogółem: 89,50
Liczba cytowań bez autocytowań=	179	147	po dr: 92,45
Średnia cytowań =	11,76	11,36	
Średnia cytowań bez autocytowań=	10,53	10,5	
	liczba cytowań	% cytowań	
Cytowania publikacji C1			
W Dyrka	4	9,76	
Współautorzy	18	43,90	
Obce cytowania	19	46,34	
suma:	41	100,00	

Uwaga: wskaźniki określające liczbę cytowań są wyższe niż podane przez Habilitanta, gdyż zostały zebrane w momencie przygotowywania recenzji (dane z grudnia 2021 roku). W obliczeniach współczynnika IF oraz punktów ministerialnych uwzględniono również krotność publikacji autora, które ukazały się w danym czasopiśmie. Dla dwóch publikacji, które pojawiają się na liście Web of Science i są monografiami pokonferencyjnymi nie znaleziono wartości współczynników IF oraz punktów określonych przez ministerstwo, zatem nie uwzględniono ich w obliczeniach

Dane naukometryczne się następujące:

Sumaryczny Impact Factor według listy Journal Citation Reports (JCR) wynosi **65,733**. Średni IF na jedną publikację równa się **4,382**.

Za wszystkie publikacje, wg. aktualnej punktacji MEiS Habilitant uzyskałby **1650** punktów, co daje średnią liczbę punktów równą 110 na publikację.

Indeks Hirscha według: Web of Science (WoS) - **7** (bez autocytowań - 7)

Sumaryczna liczba cytowań wynosi 200 (bez autocytowań Kandydata 179) i została wyznaczona przez aplikację Web of Science. Po uzyskaniu stopnia doktora liczba cytowań wynosi 159 (bez autocytowań 147). Dane pobrano podczas przygotowywania recenzji.

Wyrażając powyższy wynik w procentach można zauważyć, że **około 90% cytowań** (89,50%, po uzyskaniu stopnia doktora 92,45%) **to cytowania obce, a jedynie około 10 % tej liczby stanowią autocytowania**. Świadczy to z jednej strony o tym, że Habilitant w publikacjach odwołuje się do swoich własnych artykułów i w ten sposób potwierdza, że przedstawiony do oceny cykl publikacji dotyczy jednego tematu – bioinformatyki. Z drugiej strony liczba 90 % cytowań prac Habilitanta przez innych autorów wskazuje, że osiągnięte przez Niego wyniki badań mogą być elementem dyskusji naukowych podejmowanych przez innych badaczy

zajmujących się podobną tematyką. Jeżeli jednak poddać analizie liczbę współautorów publikacji i liczbę cytowań tej publikacji to można zauważyć, że istotną staje się liczba autocytań któregośkolwiek współautora danej publikacji. Posłużmy się przykładem publikacji C1 (należącej do recenzowanego osiągnięcia naukowego), dla której w bazie Web of Science można znaleźć szczegółowe dane bibliograficzne.

Jak można zauważyć, publikację przygotowało ośmiu współautorów, reprezentujących dwa uniwersytety francuskie i dwa australijskie. Habilitantowi przypisano afiliację pierwszego z wymienionych uniwersytetów, gdyż w tym czasie odbywał staż naukowy na tej uczelni. W bazie znajdują się dane nt. 41 cytowań tej publikacji. Śledząc poszczególne cytowania dochodzi się do wniosku, że Habilitant w czterech swoich artykułach powołuje się na wymienioną publikację, co stanowi około 10% (9,76%) liczby wszystkich cytowań i jest zgodne z średnimi wynikami obliczeń podanymi powyżej. Jeśli natomiast chodzi o współautorów, to powołują się oni na artykuł [C1] aż 18 razy (43,90% wszystkich cytowań), natomiast obce cytowania stanowią około 46% (19 publikacji, 46,34%), co jest wynikiem prawie o połowę mniejszym niż w przypadku, gdy w obliczeniach uwzględnimy tylko brak autocytań Habilitanta. Ilościowe miary nie odzwierciedlają jednak wszystkich efektów cytowania publikacji. Jeśli przeanalizuje się afiliacje autorów tych "obcych" 19 publikacji, w których cytowany był artykuł [C1] to można stwierdzić, że przy ich opracowaniu brało udział wielu autorów reprezentujących różne uniwersytety i instytuty naukowe. Szczegółowa analiza pozwala wymienić wiele krajów (Chiny, Szwajcaria, Niemcy, USA, Meksyk, Indie, Włochy, Arabia Saudyjska, Anglia, Hiszpania, Australia, Norwegia, Niderlandy, Japonia, Szwecja, Francja, Węgry Irlandia), które podawane są jako miejsca zatrudnienia autorów "obcych", a to wskazuje na umiędzynarodowienie zarówno tematyki jak i przedstawianych przez Kandydata wyników badań.

Podsumowując stwierdzam, że dane naukometryczne charakteryzujące dorobek publikacyjny dr inż. Witolda Dyrki zarówno pod względem liczbowym jak i merytorycznym są wystarczające i spełniają kryteria wymagane do wystąpienia z wnioskiem o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie Nauk inżynierjno-technicznych.

3c) Dorobek naukowy Kandydata

Dorobek naukowy dr inż. Witolda Dyrki (po doktoracie) obejmuje – zgodnie z dokumentacją przedstawioną przez Kandydata w załączniku 4, opracowaną na podstawie art. 219 ust. 1 pkt.

2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2018 r. poz. 1668 ze zm.) - następujące pozycje:

1. 7 współautorskich publikacji [C1-C7], które ukazały się w latach 2014 - 2021, przedstawione jako dorobek habilitacyjny. Wszystkie publikacje są indeksowane w bazie Web of Science,
2. 6 współautorskich publikacji naukowych, które ukazały się w czasopiśmie znajdujących się w bazie JCR - Journal Citation Reports (nie wchodzących w skład osiągnięcia wymienionego w pkt. 1). Cztery pierwsze [A01 – A04] wymienione na tej liście publikacje dotyczą okresu sprzed (2) i po (2) uzyskaniu stopnia naukowego doktora i nie były brane pod uwagę jako wskaźniki charakteryzujące recenzowany dorobek naukowy Habilitanta,
3. 6 rozdziałów w monografiach (2 monografie [M01, M02] są indeksowane w bazie Web of Science)
4. 2 publikacje naukowe opublikowane jako materiały konferencyjne, również indeksowane w bazie WoS, inne niż znajdujące się na liście opracowanej przez Habilitanta, której podsumowanie podano w pkt. 1 i 2.

oraz dodatkowo

5. udział w projektach badawczych finansowanych z **funduszy międzynarodowych**:
- [G3] – finansowany przez Agence Nationale de la Recherche, Francja
oraz z **funduszy krajowych** [G1, G2, G4 - G6], w których Kandydat brał udział jako:
- **kierownik** (1, [G5] - NCN SONATA),
- **pierwszy główny wykonawca** (2, w tym [G1] - grant promotorski i [G4] - grant z miejskiego programu wsparcia Mozart Wrocławskiego Centrum Akademickiego),
- **wykonawca** (3, [G2, G3] oraz [G6] - NCN OPUS, obecnie w realizacji),
6. wygłoszenie 3 referatów na konferencjach międzynarodowych (2 po uzyskaniu stopnia doktora) i 6 na krajowych konferencjach tematycznych (3 po uzyskaniu stopnia doktora) [R01-R09],
7. aktywny udział w konferencjach naukowych (komunikaty [K01-K03] i postery [P01-P15]: 11 wystąpień na konferencjach międzynarodowych i 7 na krajowych),
8. udział w pracach Komitetów Programowych podczas 2 międzynarodowych i 2 krajowych konferencji naukowych.

W przygotowanym wykazie dorobku nie znalazłam dwóch publikacji Habilitanta, jednak ich dane bibliograficzne znajdują się na liście artykułów otrzymanej po uruchomieniu aplikacji Web of Science, są to publikacje o tytułach:

- Computational Evaluation of Nanopore Conductivity in Electroporation (2010)
- Ion Transport Modelling for Quality Assessment of Transmembrane Protein Structures (2014)

Wyniki średnie parametrów charakteryzujących dorobek Kandydata, wyznaczone przez statystyki zaimplementowane w Web of Science, uwzględniają te dwie pominięte przez Habilitanta publikacje.

Podsumowując, wykaz dorobku do którego jest dostęp przez wyszukiwarkę Web of Science obejmuje 17 pozycji, w tym 13 publikacji, 2 rozdziały w monografiach oraz 2 artykuły w materiałach pokonferencyjnych i dla tych danych dokonano obliczeń podsumowujących dorobek. Dwanaście artykułów było opublikowanych w latach 2013-2021, a więc po uzyskaniu przez Kandydata stopnia doktora.

3d) Najważniejsze czasopisma w których Kandydat opublikował swoje prace naukowe

Lista czasopism w których dr Dyrka publikował prace naukowe została podana w tabeli znajdującej się w punkcie 3c). Jest ona zgodna z danymi znajdującymi się w bazie Web of Science. Średnia wartość współczynnika IF dla tych publikacji (dane do obliczeń pobrano w momencie pisania recenzji) wynosi 4,382 co oznacza, że są to dość wysoko punktowane czasopisma.

Również średnia punktacja, wg. aktualnie obowiązującej tabeli MEiN jest wysoka i wynosi 110 punktów na publikację. Oddzielnej analizie poddany został wykaz publikacji, które kandydat przedstawił jako dorobek habilitacyjny. Poniżej podano dane dla artykułów tworzących oceniany cykl.

		2019 rok	2021 rok	2021 rok
Publikacja	Czasopismo	punktacja 5_IF	punktacja 5-IF	punktacja MEiN
C1	GENOME BIOLOGY AND EVOLUTION	3,926	4,079	100
C2	SCIENTIFIC REPORTS	4,576	5,134	140
C3	FRONTIERS IN MICROBIOLOGY	4,926	6,320	100
C4	BMC BIOINFORMATICS	3,213	3,629	100
C5	PEERJ	2,810	3,369	100
C6	JOURNAL OF MOLECULAR BIOLOGY	4,783	5,826	140
C7	BMC BIOINFORMATICS	3,213	3,629	100
	suma:	27,447	31,986	780
	średnia:	3,921	4,57	111,43

Wyniki uzyskane dla publikacji [C1-C7] są nieco wyższe niż średnie obliczone dla wszystkich 15 publikacji autora indeksowanych w bazie Web of Science. Dane, które znajdują się w dokumentach przygotowanych przez Kandydata dotyczyły wartości wskaźnika Impact Factor (indeks 5-IF, średnia z pięciu lat), jaką wydawnictwo podawało w roku 2019. Porównanie średnich z roku 2019 (5-IF = 3,92) i 2021 (5-IF = 4,57) wskazuje na istotny wzrost wartości indeksu, co można zinterpretować, że wskazane czasopisma zwiększają swoją renomę (znaczenie, rangę), gdyż IF zależy od średniej miary częstotliwości, z jaką artykuły z tego czasopisma były cytowane w danym roku.

Podsumowując tę część recenzji stwierdzam, że Kandydat publikuje wyniki swoich prac w renomowanych czasopismach których ranga wzrasta i w których artykułów na określony temat poszukują inni naukowcy, zajmujący się tą samą dziedziną badań. Dzięki temu zwiększa się możliwość nawiązania międzynarodowej współpracy i wymiany doświadczeń, a więc parametr definiujący mobilność naukową nauczyciela akademickiego .

3e) Rola kandydata w ramach powstawania współautorskich prac naukowych

Podstawą wniosku o ubieganie się o stopień doktora habilitowanego było siedem współautorskich publikacji przedstawiających wyniki prac naukowych, których współautorem był Kandydat. Dla publikacji tych Kandydat dostarczył oświadczenia współautorów. Oświadczenia te miały formę formularza typową dla formularzy wymaganych przez wiele

renomowanych wydawnictw naukowych. Każdy formularz zawiera następujących 14 pozycji – działań podejmowanych w ramach realizowanych prac naukowych: konceptualizacja, materiały i metody, opracowanie danych, oprogramowanie, analiza formalna, nadzór, pozyskiwanie finansowania, walidacja, prowadzenie badań, wizualizacja, metodologia, zarządzanie projektem, pisanie – wersja pierwotna, pisanie – korekta i redagowanie.

W formularzu, współautorzy mogli wybrać więcej niż jedną z 14 pozycji, wskazując tym samym, w których działaniach brali udział w ramach powstawania współautorskich prac naukowych. Podane dane nie wskazują jednak w jakim stopniu współautorzy ci brali udział w każdym z 14 działań, co jest istotne szczególnie w sytuacji, w której wielu współautorów wskazywało, że brali udział w danych działaniu. Ponadto, Kandydat nie dostarczył takich samych formularzy dotyczących udziału jego osoby w powstawaniu w/w prac naukowych. Przedstawione przez Kandydata informacje o jego wkładzie w poszczególne prace naukowe są podane w sposób opisowy i nie odnoszą się w sposób jednoznaczny do 14 kryteriów zastosowanych dla pozostałych współautorów.

W związku z powyższym, nie jest możliwe określenie w oparciu o jednolite kryteria (te same dla wszystkich współautorów) rodzaju oraz stopnia zaangażowania Kandydata w powstanie współautorskich prac naukowych.

Dla każdej z siedmiu publikacji [C1 - C7], tworzących recenzowany cykl, kandydat przygotował oddzielny plik w którym umieścił kopie deklaracji przekazane przez współautorów. Oddzielnie przesłane zostały deklaracje 3 współautorów, którzy nie dostarczyli swoich plików w terminie; brak jest deklaracji jednego ze współautorów (Habilitation stwierdził brak kontaktu). W części deklaracji zauważono istotne błędy, które polegały głównie na tym, że nie wypełniono pola „Autor / Author’s name:”, a na podstawie odręcznego podpisu nie zawsze można jednoznacznie stwierdzić kogo dotyczył formularz. Odręczny podpis powinien jednak widnieć na każdym z w/w dokumentów, a w kilkunastu przypadkach stwierdzono, że podpis do deklaracji wklejono jak obrazek. Kwestia braku odręcznych podpisów na dokumentach dotyczy zarówno współautorów z zagranicy (np. prof. Sven J. Saupe), jak również współautorki o tej samej afiliacji co Kandydat (pani Monika Szewczyk, publikacja [C7]).

Wszystkie artykuły ocenianego cyklu są publikacjami, które mają wielu współautorów. Obok kodu publikacji podano w nawiasie liczbę współautorów: C1 (7), C2 (3), C3 (5), C4 (3), C5 (4), C6 (11), C7 (4).

Kandydat nie przedstawił żadnego artykułu, którego jest jedynym autorem.

Analizując deklaracje złożone przez współautorów publikacji można stwierdzić, że wiele cech (ról, z zaproponowanych 14 możliwości) przypisywało sobie wielu autorów. I tak przykładowo, w deklaracjach współautorów związanych z publikacją [C1] znajdujemy informację, że aż 4 z nich określiło sobie jako osobę odpowiedzialną za *konceptualizację*. W publikacji [C6] czterech współautorów przypisało sobie funkcję *metodologia*, a pięciu oświadczyło, że *przewodzą badania*. Wielu współautorów zaznaczało w formularzach takie funkcje, jak: analiza formalna, prowadzenie badań, metodologia, zarządzanie projektem, tworzenie oprogramowania, nadzór, walidacja lub/i wizualizacja oraz pisanie, w tym tworzenie wersji pierwotnej i korekta oraz redagowanie. To wszystko jest oczywiście dopuszczalne, gdyż w wielu przypadkach współautorzy reprezentowali różne uniwersytety, ale nadzwyczaj trudno dokładnie określić jakie funkcje pełnił Kandydat podczas powstawania współautorskich prac naukowych i jak ocenić w wymiernych jednostkach (np. w procentach) jego zaangażowanie. Biorąc pod uwagę fakt, że do powstania każdej publikacji przyczyniło się wielu współautorów oraz analizując nieścisłości pojawiające się w oświadczeniach współautorów niezwykle trudno jest stwierdzić, czy Kandydat odgrywał **wiodącą rolę** podczas powstawania współautorskich prac naukowych. Przy omówieniu roli Kandydata opierałam się przede wszystkim na udokumentowanych i merytorycznych informacjach jakie znalazłam w złożonych przez niego dokumentach.

Pierwsza z publikacji [C1] przedstawia wyniki badań projektu ANR Mykimun, realizowanego przez zespół z IBGC CNRS w Bordeaux, do którego został włączony Habilitant podczas odbywania stażu podoktorskiego na francuskiej uczelni. Zasadniczym celem podjętych badań była próba charakteryzacji rodziny białek NLR w rodzinie grzybów, metodami bioinformatycznymi. W obszarze zainteresowań grupy badawczej znalazły się te białka, ponieważ istniało duże prawdopodobieństwo (oparte na wcześniejszych wynikach lepiej poznanych właściwościach białek LNR dla królestwa zwierząt i roślin), że będą mogły być one uznane za wewnątrzkomórkowe receptory odpowiedzialne za wrodzoną odpowiedź immunologiczną. Rolą Kandydata w tych badaniach był udział w zaprojektowaniu (wspólnie z prof. S. Saupé i prof. M. Paoletti – kierownikiem projektu) aplikacji webowych umożliwiających potokowe przetwarzanie kodów genetycznych, czyli wykorzystanie w ustalonej kolejności różnych narzędzi informatycznych pozwalających na wyszukanie w sekwencji ściśle określonych domen i porównywanie sekwencji pod kątem obecności i położenia domen typowych dla systemu białek NLR obecnych w grzybach. Habilitant podaje, że dokonał implementacji aplikacji wykorzystując umiejętność programowania w języku Linuks oraz języku AWK i języku R. Przeprowadził również wiele analiz bioinformatycznych, co doprowadziło do znalezienia

kilku domen typowych dla systemu NLR w grzybach, które następnie zostały zgłoszone do bazy Pfam i poddane ocenie kuratorów odpowiedzialnych za jakość bazy. W ten sposób wyniki pracy zespołu badawczego posłużyły do rozbudowy ogólnodostępnej i darmowej bazy Pfam, która przez wielu badaczy jest wykorzystywana do wyszukania domen białkowych na podstawie zadanej sekwencji aminokwasów (świadczą o tym liczne odnośniki w publikacjach).

Wyniki badań opisane w pracach [C2 i C3] uwzględniają opis opracowanych przez Kandydata narzędzi informatycznych wspierających analizy bioinformatyczne. Algorytmy obliczeniowe i ich implementacje powstały we współpracy z silnymi zespołami badaczy z Francji (Team MAGNOME, Centre de recherche Inria Bordeaux - Sud Ouest, Institut national de recherche en sciences et technologies du numérique (Inria), Talence, Francja oraz Team Non-Self Recognition in Fungi, Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires (UMR 5095), CNRS, Bordeaux, Francja). Z pewnością możliwości prowadzenia tak różnorodnych badań miały wpływ na poszerzenie doświadczenia badawczego i metodologicznego Habilitanta. Ponadto, pozwoliły mu na praktyczne zrealizowanie własnych pomysłów. Zaproponowany projekt potokowej identyfikacji motywów HRAM w sekwencjach białek cechuje specyficzność i indywidualne podejście autora, a wyniki obliczeniowe są prezentowane w oryginalny i czytelny sposób, co jest również udziałem Habilitanta, który jest twórcą części procedur umożliwiających wizualizację danych.

Po powrocie do Polski (2014 r.) dr Dyrka kontynuował badania nad nowymi algorytmami lingwistyki formalnej mogącymi znaleźć zastosowanie w proteomice. Temat ten był również realizowany w ramach grantu [G5], którego został kierownikiem. Efektem tych prac było opracowanie w języku Python pakietu *Quantiprot* do ilościowej analizy sekwencji białkowych. Habilitant był pomysłodawcą i głównym projektantem pakietu. Pakiet został opisany w publikacji [C4], a jego wybrane funkcjonalności były wykorzystane w dalszych badaniach, których wyniki przedstawione zostały m.in. w pracy [C6]. W tym przypadku (publikacja [C6]) w badaniach wzięło udział 11 naukowców z 5 instytutów badawczych, w tym Kandydat, reprezentujący Katedrę Inżynierii Biomedycznej PWr, natomiast pozostali współautorzy mieli afiliacje Uniwersytetów w Bordeaux i w Pessac. Habilitant deklaruje, że wzięł udział zarówno w fazie konceptualizacji (również jeden ze współautorów przypisuje sobie tę funkcję), jak i podczas projektowania i testowania zbudowanego systemu. Autor tworzył skrypty do przetwarzania potokowego nie tylko z wykorzystaniem narzędzi zewnętrznych, ale włączył również własne aplikacje, m.in. oryginalną procedurę grupowania statystycznie istotnych wzorców sekwencyjnych. W wersji finalnej pakiet *Quantiprot* jest udostępniany poprzez

Python Package Index, jest indeksowany w kanale Bioconda, a jego kod źródłowy (na licencji MIT) znajduje się w repozytorium Kandydata: git.e-science.pl/wdyrka/quantiprot.

W publikacji [C5] omówione zostały, zaproponowane przez zespół nowe miary ilościowe pozwalające na ocenę struktury drzewa parsowania, w odniesieniu do znanej struktury przestrzennej białka. Opracowanie nowych algorytmów było poprzedzone gruntowną analizą wcześniej używanych metod (m. in. Habilitant zajmował się tą problematyką podczas realizowania badań związanych z pracą doktorską). Model uczenia gramatyk probabilistycznych został sformalizowany we współpracy z dr. F. Coste i H. Talibart z IRISA/Inria w Rennes, ale ich udział (zgodnie z deklaracją Kandydata) dotyczył jedynie współpracy przy formalnym opisie nowego modelu zaproponowanego przez Habilitanta. Szczególnie ważne okazało się zainteresowanie tymi badaniami dr Coste, gdyż jest on jednym z autorów wcześniej opracowanego narzędzia służącego do automatycznego uczenia probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych, zatem będąc ekspertem mógł ocenić zaproponowane przez Habilitanta nowe algorytmy pracy nad tekstem. Zdefiniowane zostały nowe miary ilościowe do oceny najbardziej prawdopodobnych drzew parsowania otrzymanych dla motywów białkowych, które uwzględniały wykorzystanie informacji o kontaktach pomiędzy aminokwasami. W efekcie skutkowało to zwiększeniem zdolności dyskryminacyjnej uczonych ewolucyjnie modeli gramatycznych, jednocześnie poprawiając zgodność generowanych przez nie deskryptorów ze strukturą modelowanych fragmentów białek, co zostało wykazane m.in. na zbiorze amyloidów typu HET-s. Projektując aplikację zwrócono uwagę na złożoność czasową zaimplementowanych algorytmów, tak aby uczenie systemu dla dużych zbiorów danych było przeprowadzane w "rozsądnym" czasie (jak to określił Habilitant). Istotne teoretyczne aspekty zaimplementowanych algorytmów opisano w publikacji [C5] (2019 r.). Wytworzone oprogramowanie *PCFG-CM* [O3] (napisane w języku C++), zostało udostępnione na licencji GNU Public License v3.0, a kod źródłowy znajduje się w repozytorium dostępnym pod adresem: git.e-science.pl/wdyrka/pcfg-cm.

Narzędzie to zostało również wykorzystane podczas badań, których rezultaty przedstawiono w ostatnim artykule omawianego cyklu [C7], który ukazał się w 2021 roku. Opisane w tej publikacji badania dotyczą przede wszystkim analiz prowadzonych metodą *in silico*, które, jak deklaruje Habilitant, sam w całości zaprojektował i zrealizował (zaimplementował, przetestował, wykorzystał). Wskazane, w wyniku symulacji komputerowych amyloidy sygnałowe zostały następnie zsyntetyzowane przez współautorkę publikacji – dr M. Szewczyk z WCh PWr a ich struktura zweryfikowana eksperymentalnie metodami spektroskopii bliskiej podczerwieni (NIR), mikroskopii sił atomowych (AFM) oraz barwienia Congo Red

(przeznaczonej do wykrywania amyloidu) przez dr M. Gąsior-Głogowską i mgr N. Szulc z Wydziału Podstawowych Problemów Techniki Politechniki Wrocławskiej. Te badania mają zatem charakter kompleksowy, gdyż zespół zweryfikował wyniki analiz bioinformatycznych badaniami laboratoryjnymi, przez co uzyskał potwierdzenie założonych hipotez badawczych.

*Podsumowując tą część recenzji stwierdzam, że Kandydat opublikował wszystkie wyniki swoich badań we współautorskich publikacjach naukowych. W przedstawionych do oceny materiałach, omawiając cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych, Habilitant zdefiniował wkład pracy własnej na który składa się głównie projektowanie nowych algorytmów obliczeniowych lub implementacja skryptów do przetwarzania potokowego, podczas którego zaplanował wykorzystanie zarówno ogólnie dostępnych, jak i opracowanych przez siebie programów zaimplementowanych w wybranych językach. Trudno określić, czy rola dr Dyrki podczas powstawania współautorskich prac była wiodąca (pracował w dużych międzynarodowych zespołach badawczych), ale na pewno ważna albowiem modele obliczeniowe, a w szczególności metoda *in silico*, są preferowane przez naukowców jako nowy sposób prowadzenia badań. Obecnie dostępne są bazy w których zgromadzono ogromne ilości danych nt. struktury sekwencyjnej białek oraz związków biologicznie czynnych i dlatego też biochemicy, zajmujący się zagadnieniami związanymi z białkami (głównie analizą sekwencji DNA) coraz częściej korzystają z komputera niż z badań *in vitro* czy *in vivo*.*

3f) Ocena wskazanego przez Kandydata osiągnięcia naukowego

Badania metodą *in silico* we wszystkich naukach przyrodniczych (biologia, medycyna czy farmacja) pozwalają projektować procesy i cząsteczki, przyspieszać tempo odkryć, a jednocześnie zmniejszyć zarówno koszty prowadzonych prac laboratoryjnych, jak i klinicznych. Tworzenie baz danych genomu czy sekwencji DNA odbywa się także za pomocą tej metody. Wśród najważniejszych zalet metody można wymienić możliwość analizy, interpretacji i wizualizacji zbiorów danych pochodzących z różnych źródeł np. genomu, transkryptomu, proteomu. Zwrot "*in silico*" używany jest do określenia symulacji komputerowych, w szczególności do badań nad cząsteczkami o dużej masie cząsteczkowej, w tym białek. Obecnie dostępne są obszerne bazy danych o sekwencjach białek i ich struktur. Opracowano też wiele programów pozwalających na zastosowanie do takich baz metod drążenia danych (pozyskiwanie wiedzy z baz danych). Te działania wchodzą w skład dziedziny bioinformatyka

Przedstawiona do oceny praca pt. „**Bioinformatyczna charakteryzacja i modelowanie amyloidów sygnałowych w układzie odpornościowym grzybów i bakterii wielokomórkowych**” stanowi podsumowanie badań Autora, prowadzonych w latach 2013-2021. Zasadniczą część osiągnięć, przedstawioną jako podstawa oceny dorobku naukowego dr inż. Witolda Dyrki, stanowi jednotematyczny cykl opublikowanych artykułów naukowych, na który składa się 7 publikacji oznaczonych w przedstawionych dokumentach indeksami [C1-C7]. Poniżej krótko wymieniam najciekawsze wyniki wybranych prac. Każda z nich przeszła już wcześniej dokładny cykl recenzji w czasopismach naukowych i została zakwalifikowana do druku, tym samym nie omawiam tych prac bardzo szczegółowo.

Dodatkowo, w opisie osiągnięcia Kandydat odwołuje się do treści 3 rozdziałów opublikowanych w monografiach [M4 – M6, Proceedings The 14th International Conference on Grammatical Inference (2019), Artificial Intelligence in Medicine (2020), The Mycota: Genetics and Bioyechnology (2020)], 3 referatów [R07-R09, Wrocław (2017) – referat zaproszony, Chicago (2018), Madryt (2018)], 3 komunikatów [K01 – K03, Lublin (2015), Delft (2016), Lipsk (2019)] oraz materiałów przedstawionych na 4 plakatach konferencyjnych [P12 – P15, Warszawa (2015), Wrocław (2016), Uniejów (2017), Wrocław (2018)]. Te dane zostaną wykorzystane w kolejnym podpunkcie przygotowywanej recenzji, gdzie będzie oceniona aktywność naukowa.

Z analizy autoreferatu wynika, że Habilitant ma dobrą znajomość przedstawianej problematyki badawczej, a przedłożone publikacje cechują się nie tylko logicznym układem treściowym, ale także chronologicznym. Prace dotyczą: zastosowania metod bioinformatycznych do analizy białek rodziny NLR w skali królestwa grzybów, zaprojektowania metod identyfikacji motywów HRAM w sekwencjach białek, opisu wykonywanych analiz bioinformatycznych takich jak szukanie homologów czy identyfikacja ortologów, opracowania pakietu Quantiprot do ilościowej analizy sekwencji białkowych, zastosowania metody probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych do modelowania sekwencji białek i zaimplementowanie ich w programie PCFG-CM, oraz przeprowadzenia badań modelujących na bakteriach i archeonach z wykorzystaniem nowej oryginalnej procedury grupowania statystycznie istotnych wzorców sekwencyjnych.

Po obronie pracy doktorskiej (w 2012 roku) Habilitant wyjechał na dwuletni staż podoktorski do Francji (Team MAGNOME, Centre de recherche Inria Bordeaux - Sud Ouest, Institut national de recherche en sciences et technologies du numérique (Inria), Talence, Francja), gdzie w ramach projektu ANR *Mykimun* został włączony do zespołu, który podjął badania nad rolą białek NLR i białek pokrewnych w odpowiedzi grzybów na obecność w ich komórkach

elementów obcych, powodujących np. śmierć komórki. Badania były prowadzone metodą *in silico*, a więc z pomocą komputera, gdyż dane do analiz pobierano z obszernych kolekcji białek NLR zidentyfikowanych wcześniej w genomie grzybów, a także w innych genomach dostępnych w bazie Pfam. **Pfam** to baza danych rodzin białek, która zawiera ich adnotacje i wielokrotne dopasowania sekwencji wygenerowane przy użyciu ukrytych modeli Markowa. Kandydat podaje, że wykorzystywał 20 istniejących programów do przetwarzania danych i własne wytworzone oprogramowanie. W publikacji można znaleźć informacje o ogólnie dostępnych programach, m.in. autorzy odwołują się do aplikacji: Clustal, Blast, Muscle, RADAR, (używane były różne wersje) czy HMMER, który jest stosowany do przeszukiwania bazy Pfam. Istnieje wiele programów umożliwiających badanie struktury genetycznej białek i zazwyczaj w analizach wykorzystuje się je do: transformacji formatu danych do postaci wymaganej przez inny program, porównania dwóch sekwencji, porównania sekwencji z wieloma sekwencjami pobranymi z bazy, zapamiętywania wyników cząstkowych, klasteryzacji niezbędnej do wyznaczenia rodzin, eliminacji wyników redundantnych (duplikatów) i źle rokujących, tworzenia drzew filogenetycznych, wyświetlania wyników w różnych postaciach. Kandydat podaje, że zaprojektował przetwarzanie potokowe do realizacji którego wykorzystywał stworzone przez siebie specjalne skrypty. Takie podejście automatyzuje proces obliczeniowy, gdyż można wyniki obliczeń wykonanych przez jeden program przekazywać jako dane wejściowe do kolejnego programu. W przypadku tego rodzaju przetwarzania każda automatyzacja jest ważna, gdyż skraca czas obliczeń, co jest szczególnie istotne w przypadku, gdy mamy do czynienia z dużymi bazami danych (przykładowo, najnowsza wersja, Pfam 34.0, która została wydana w marcu 2021 roku, zawiera dane dla 19179 rodzin). Kandydat zwracał uwagę na to, że aby pracować z tak dużymi zbiorami należy minimalizować złożoność czasową tworzonych algorytmów. Do publikacji [C1] nie dołączono kodów protokołów opracowanych przez dr. Dyrkę, ale w treści opisano w skrócie kolejne etapy przeprowadzania analiz bioinformatycznych. Habilitant wykonał większość tych analiz, a wyniki dopasowania kilku domen dla rodziny białek NLR obecnych w grzybach zostały zgłoszone do bazy Pfam. W kolejnych badaniach [C2] dr Dyrka włączył się w projektowanie procedur do analizy bioinformatycznej i we współpracy z A. Dascalovem opracował nowe algorytmy obliczeniowe na podstawie których wytworzone zostało oprogramowanie umożliwiające potokowe przetwarzanie danych i pozwalające na identyfikację motywów HRAM w sekwencjach białek. Zaproponowana przez Habilitanta metodologia badań pozwoliła na uzyskanie wysokiej czułości zautomatyzowanej metody identyfikacji motywów r1 i r2 oraz na wysoką poprawność klasyfikacji motywów w zbiory HRAM.

Wytworzone oprogramowanie zostało wykorzystane przez Habilitanta do przeprowadzenia analiz, których celem było porównanie ekspresji genów grzyba *Podospora anserina* w przypadku reakcji niezgodności heterokariotycznej oraz obrony przed bakteriami *Serratia fonticola* i *Serratia marcescens*. Ostatecznie, wyniki tych badań (wyznaczenie wspólnej puli genów podlegających zmniejszonej lub zwiększonej ekspresji, identyfikacja homologów i ortologów itp.) doprowadziły zespół do zaproponowania dwupoziomowego modelu systemu immunologicznego, z białkami NLR indukującymi zaprogramowaną śmierć komórki jako drugą i ostatnią linią obrony organizmu [C3]. Autor zaproponował też własny, czytelny sposób prezentacji wyników grupowania.

Kontynuację badań nad oprogramowaniem do analiz bioinformatycznych umożliwiło Habilitantowi pozyskanie funduszy w ramach grantu NCN SONATA 2015/17/D/ST6/04054. W ramach tego projektu powstały pakiety oprogramowania: *Quantiprot* (O2, 2017) - do ilościowej charakteryzacji sekwencji białkowych oraz *PCFG-CM* (O3, 2019, 2020) – pozwalający na maszynowe uczenie probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych w celu modelowania i wyszukiwania motywów białkowych. Kod źródłowy wytworzonego oprogramowania znajduje się w repozytorium autora, odpowiednio pod adresami:

git.e-science.pl/wdyrka/quantiprot

git.e-science.pl/wdyrka/pcfg-cm.

Ponieważ autor zapewnia swobodny dostęp do własnego oprogramowania, skorzystali z niego również inni badacze. Wytworzone oprogramowanie [O2] zostało opisane w publikacji [C4] oraz wykorzystane w badaniach zaprojektowanych w grantie [G5], na którego finansowanie Habilitant uzyskał środki z NCN (pełnił w nim funkcje kierownika i głównego wykonawcy). Wyniki zaproponowanej nowej oryginalnej metodologii grupowania motywów oraz działania procedury analizy rozkładu białek Bell i NLR, przedstawiono w publikacji [C6]. W rezultacie prowadzonych badań powstały nowe kolekcje ok. 1000 sekwencji amyloidogennych.

Wytworzone w ramach grantu [G5] oprogramowanie PCFG-CM, napisane w języku C++ ma formę pliku wsadowego i zostało wykorzystane do badań nad modelowaniem motywów sekwencyjnych metodami lingwistyki formalnej, których rezultaty opisano w publikacjach [C5, C7]. Zbudowane oprogramowanie powstało na bazie wcześniej (w ramach doktoratu) opracowanej metody i odpowiadającego jej narzędzia do automatycznego uczenia probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych. Zastosowana metoda PCFG (ang. probabilistic context-free grammar) okazała się być bardziej dokładna od metody profili HMM (ang. Hidden Markov Models) trenowanej na tych samych danych. Kandydat podaje, że powstało nowe

oprogramowanie obejmujące gramatyki CFC (ang. Context-Free Grammar), ale uwzględniające podejście probabilistyczno-gramatyczne i pozwalające na utworzenie mapy potencjału kontaktu pomiędzy pozycjami w sekwencji.

Badania, których wyniki przedstawione zostały w publikacji [C7] zostały przeprowadzone przez czteroosobowy zespół. Za stronę bioinformatyczną odpowiadał w całości dr Dyrka, który jest autorem aplikacji i wykonawcą procesu badania sekwencji genów metodą *in silico*. Opracowany program posłużył do wybrania z baz danych motywów sekwencyjnych wskazanych jako amyloidy sygnałowe, które następnie zostały zsyntetyzowane i zweryfikowane metodami spektralnymi przez współautorów publikacji [C7].

Najważniejsze wnioski z tych badań i ich odniesienie do zbioru recenzowanych publikacji [C1 – C7], są następujące :

- zaprojektowano nowe schematy identyfikacji i analizy komputerowej białek rodziny NLR oraz powiązanych z nimi amyloidów sygnałowych, [C1, C2, C6]
- zastosowano w/w schematy do identyfikacji i charakteryzacji białek rodziny NLR w grzybach i uzyskano potwierdzenie, że stanowią one kluczowy element systemu nieswoistej odpowiedzi odpornościowej grzybów [C1],
- wykorzystano te schematy do identyfikacji rodzin amyloidów sygnałowych HRAM w grzybach i BASS w bakteriach [C2, C6], co jest ważne, gdyż wcześniej znane były tylko nieliczne przypadki motywów tego typu
- opracowano algorytmy umożliwiające wykorzystanie probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych do modelowania sekwencji białkowych, w tym schematu maszynowego uczenia gramatyk z wykorzystaniem map kontaktów [C5],
- wytworzono oprogramowania: *quantiprot* [C4] oraz *PCFG-CM* [C5, C7], co w sposób istotny rozbudowało zbiór dostępnych narzędzi do takiej analizy sekwencji, która nie wymaga wcześniejszego dopasowania sekwencji,
- połączono wyniki analiz bioinformatycznych z laboratoryjnymi przez co wykazano użyteczność stosowania metod *in silico* i zasadność wcześniejszego ich użycia przed badaniami eksperymentalnymi.

Kandydat zadeklarował, że planuje dalsze prace w tym temacie i rozbudowanie modelu do analiz bioinformatycznych o nowe funkcje i metody. Proces ten już się rozpoczął, m.in. w badaniach prowadzonych w ramach grantu NCN OPUS [G6], realizowanego od 2020 r. przez zespół prof. Małgorzaty Kotulskiej, w których to badaniach dr Dyrka jest jednym z wykonawców.

Podsumowując tę część recenzji uważam, że wybrane przez Kandydata prace, oznaczone indeksami [C1 - C7] stanowią jednotematyczny cykl, reprezentują wysoki poziom naukowy i w związku z tym nie mam zastrzeżeń do zaprezentowanego dorobku naukowego kandydata. Doskonale przygotowanie Kandydata do pracy naukowej (studia, staże, współpraca międzynarodowa, nabycie umiejętności tworzenia zespołu i pozyskiwania funduszy na badania) w dziedzinie bioinformatyka, a także zgromadzony dorobek naukowy są również gwarancją Jego dalszego rozwoju naukowego.

3g) Informacja o aktywności naukowej

Większość danych nt. aktywności naukowej Kandydata została omówiona powyżej (rozdział 3b – dane naukometyczne i 3c – dorobek Kandydata). Obecnie chciałabym się skupić na dodatkowych aspektach tej działalności zrealizowanych przez Kandydata po uzyskaniu stopnia doktora:

- *Informacja o odbytych przez Habilitanta stażach naukowych*

Przed uzyskaniem stopnia doktora Kandydat odbył:

- roczne studia w Kingston University, Londyn (Wielka Brytania) (2006–2007), gdzie uzyskał stopień Master of Science by Research w Faculty of Computing, Information Systems and Bioinformatics (promotor: dr Jean-Christophe Nebel)
- trzy 1–2-tygodniowe pobyty badawcze w latach 2008–2010, finansowane przez Polsko-Brytyjski Program dla Młodych Naukowców.

Po doktoracie Kandydat zrealizował:

- dwuletni staż podoktorski w instytucie Inria Sud-Ouest Research Centre, Talence (Francja) (2012–2014) w zespole MAGNOME (kierownik: prof. David J. Sherman)
- miesięczny staż w Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires CNRS (UMR 5095), Bordeaux Francja) (2015), podczas którego zrealizowany zakres badań był kontynuacją poprzedniego stażu (zespołem kierował dr. Sven Saupe).

Pobyty na francuskich uczelniach skutkowały nie tylko dwoma publikacjami [C1, C2], które ukazały się bezpośrednio po odbyciu stażu. Kandydat nawiązał również dalszą współpracą, a wyniki wspólnie zrealizowanych badań ukazały się w kilku kolejnych artykułach [C3 (2016), C5 (2019), C6 (2020)], których współautorami są naukowcy zatrudnieni na francuskich uczelniach.

- Udział w komitetach organizacyjnych i programowych konferencji krajowych i międzynarodowych*

Kandydat był członkiem komitetów programowych 4 konferencji, które odbyły się we Wrocławiu. Były to: Symposium Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego PTBi (2013, 2018) oraz International Conference on Grammatical Inference ICGI (2018, 2021). W roku 2018 brał udział w pracach komitetu organizacyjnego konferencji PTBi jako jego koordynator, a także pełnił funkcję współprzewodniczącego konferencji ICGI.
- Informacja o zrecenzowanych pracach naukowych*

W latach (2014-2021) dr Dyrka przygotował recenzje 6 artykułów naukowych, które ukazały się w następujących czasopismach: International Journal of Applied Mathematics and Computer Science, Medical Physics, Computational and Structural Biotechnology Journal, Machine Learning, Scientific Reports, PLOS ONE. Wszystkie czasopisma są wysoko punktowane (średni 5-IF = 3,529). Ponieważ każda z recenzji wykonana była dla innego czasopisma, to można sądzić, że w żadnym z nich Habilitant nie jest członkiem stałym Rady Recenzentów.
- Informacja o uczestnictwie w zespołach oceniających wnioski w konkursach mających charakter naukowy lub dydaktyczny*

Od 2010 roku dr Dyrka jest członkiem PTBi - Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego. W roku 2017 został zgłoszony jako recenzent mogący przygotowywać recenzje w konkursach na Najlepszą Pracę Magisterką, ogłaszanych przez to towarzystwo. Natomiast, w 2021 roku został powołany na członka komisji Konkursu PTBi na Najlepszą Pracę Licencjacką i Inżynierską.
- Pozyskiwanie środków na badania naukowe*

 - Dr Dyrka brał udział w realizacji pięciu grantów [G1 – G4, G6] (w tym jednego zagranicznego [G3], do którego został włączony podczas odbywania stażu na uczelni we Francji) jako główny wykonawca (2) lub wykonawca (3),
 - ponadto, w latach 2016 – 2019 pełnił rolę kierownika projektu [G5] finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (2015/17/D/ST6/04054) w ramach konkursu SONATA. Na wyniki osiągnięte podczas realizacji tego projektu (pt. *Lingwistyka formalna w proteomice — modelowanie, analiza i porównywanie hipotez*) Kandydat

powołuje się w kilku (3) publikacjach wchodzących w skład recenzowanego osiągnięcia naukowego.

- *Inne osiągnięcia – współpraca gospodarcza i wdrożone technologie*

Habilitant współpracował z firmami:

- Stermedia sp. z o.o. i Cancer Center sp. z o.o. (od 2015 roku) dla których kierował zespołem badawczo-rozwojowym projektującym aplikacje pozwalające na analizę obrazów biometrycznych. Odpowiadał za implementację algorytmów do maszynowego uczenia modeli matematycznych, wykorzystywanych do analizy obrazów biomedycznych (zdjęcia i slajdy histopatologiczne, obrazy radiologiczne z tomografii PET). Część prac wykonana była przez studentów, którzy pod opieką naukową dr. Dyrki realizowali prace dyplomowe.

Firma Cancer Center wdrożyła na swoją platformę webową oprogramowanie *pathoplatform.cancercenter.eu* wspomagające diagnostykę raka prostaty, powstałe w ramach pracy dyplomowej [DI15] zrealizowanej pod opieką Kandydata.

- Zakładem Medycyny Nuklearnej 4 Wojskowego Szpitala Klinicznego we Wrocławiu, w którym realizowany był projekt w zakresie kontroli jakości obrazowania w tomografii SPECT. W projekcie (w latach 2017–2018) uczestniczyli studenci realizujący prace dyplomowe, a ich opiekunem był Habilitant.

Podsumowując omówienie osiągnięć naukowych Habilitanta, należy pozytywnie ocenić Jego umiejętności w zakresie samodzielnego formułowania problemów badawczych oraz ich planowania i realizowania. Ponadto wykazał, że posiada umiejętność pracy w zespole (również międzynarodowym) i kierowania zespołem współwykonawców zaprojektowanych badań (grant [G5] - konkurs SONATA). Efektem przeprowadzonych badań jest wygenerowanie wiedzy mającej istotne walory zarówno teoriopoznawcze, jak i aplikacyjne (wdrażanie wytworzonego oprogramowania u potencjalnych użytkowników).

Przedstawiony do oceny dorobek spełnia wymagania określone w ustawie art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy - Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (tj. osiągnięcia znaczącego wkładu w rozwój dyscypliny naukowej), gdyż Habilitant wskazał na nowe obszary badawcze w których można wykorzystać metody modelowania komputerowego w bioinformatyce, opracował nowe narzędzia (algorytmy komputerowe), które po zaimplementowaniu pozwoliły na dostarczanie nowej wiedzy na temat badanej dziedziny, w tym przypadku na przebadanie różnych metod ilościowej

charakteryzacji sekwencji białek oraz na zastosowanie rozbudowanej metody probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych do budowy meta-rodzin motywów, bez konieczności sprawdzenia występowania homologii i uprzedniego wykonania procedury dopasowania sekwencji. Opublikowane prace, których współautorem jest Habilitant, stanowią ważny głos w dyskusji nad istotą, kierunkami rozwoju i obszarem zastosowania modelowania matematycznego w bioinformatyce.

4. Działalność dydaktyczna, w tym również opieka naukowa

Dr inż. Witold Dyrka jest w pełni uprawniony do prowadzenia zajęć dydaktycznych dopiero od 2019 roku, to jest od momentu, gdy został zatrudniony jako nauczyciel akademicki na stanowisku adiunkta (naukowo – dydaktycznego) w Katedrze Inżynierii Biomedycznej PWr. W przesłanych dokumentach podaje również, że zajęcia dydaktyczne prowadził wcześniej, tj. od 2007 roku, najpierw podczas stażu w Kingston University, a po powrocie na Politechnikę Wrocławską, dla studentów tej uczelni. Domniemam jednak, że były to obowiązkowe zajęcia dydaktyczne przewidziane do odrobienia w ramach studiów doktoranckich oraz zajęcia laboratoryjne (zlecone) z przedmiotów informatycznych dla studentów studiów inżynierskich. W latach 2018-2020 poprowadził wykład i laboratorium z przedmiotu Wstęp do Bioinformatyki na studiach inżynierskich dla studentów kierunku Inżynieria biomedyczna. W tym okresie był również **opiekunem 16 prac dyplomowych inżynierskich, oraz 6 prac dyplomowych magisterskich studentów**, którzy bronili swoich prac na Wydziale Podstawowych Problemów Techniki Politechniki Wrocławskiej. Kandydat podaje, że trzy prace zostały napisane w języku angielskim [DM1, DM6, DI03], 3 prace powstały we współpracy z jednostkami zewnętrznymi (szpital, uczelnia, firma) [DM3, DM4, DI15], które wyznaczyły promotorów pomocniczych. Natomiast, wyniki trzech prac były prezentowane na konferencjach naukowych [DI01, DI04, DI06]. Z tematyki prac dyplomowych opisanej w auto-referacie i podanych powyżej informacji podsumowujących wynika, że dr Dyrka potrafił zainteresować studentów- dyplomantów prowadzonymi badaniami i włączał ich w prowadzone prace naukowe.

Informacji na temat liczby prac dyplomowych, które zostały wyróżnione nie podano.

Ponadto, Habilitant miał pod swoją opieką trzech studentów zagranicznych - jedną osobę podczas odbywania stażu w INRA (Paryż, 2012) i dwóch studentów z Turcji, którzy przyjechali

na wymianę studencką do Wrocławia w ramach programu Erasmus (w roku akademickim 2015/2016 i 2018/2019).

Podsumowując łącznie osiągnięcia dydaktyczne można stwierdzić, iż Habilitant legitymuje się dorobkiem dydaktycznym w stopniu przewyższającym standardowe wymagania stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego (jak na tak krótki - 3 letni okres zatrudnienia na stanowisku nauczyciela akademickiego w Politechnice Wrocławskiej).

5. Działalność organizacyjna Kandydata

Na rzecz środowiska naukowego

Dr Dyrka pełnił funkcję koordynatora Komitetu Organizacyjnego XI Sympozjum Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego (PTBi 2018). W 2021 roku został członkiem komisji konkursowej Konkursu PTBi *Na najlepszą pracę licencjacką i inżynierską*.

Na rzecz Politechniki Wrocławskiej

Dr Dyrka został wybrany na członka Rady Wydziału Podstawowych Problemów Techniki Politechniki Wrocławskiej, na kadencję 2016/2019, a od roku 2017 jest członkiem komisji programowej kierunku Inżynieria biomedyczna

W oparciu o przedstawione informacje, działalność organizacyjną Kandydata oceniam pozytywnie. Powierzenie mu różnorodnych funkcji pochodzących z wyboru, świadczy o uznaniu Jego osiągnięć przez środowisko naukowe.

6. Zauważone błędy oraz niesłuszne lub niedokładne sformułowania w autoreferacie

6.1. Kandydat nie ustrzegł się kilku błędnych sformułowań, w treści autoreferatu, a mianowicie stwierdzono:

- użycie słowa "Tablica" zamiast "Tabela" (str. 7),
- użycie określenia "własności" zamiast poprawnego sformułowania "właściwości" (str. 13, wiersz 21 od góry).

6.2. Brakuje kilku cytowań.

Opracowane przez autora narzędzia są zaimplementowane m.in. w językach AWK (AWK – skryptowy język programowania, którego główną funkcją jest wyszukiwanie i przetwarzanie wzorców w plikach lub strumieniach danych) oraz R (R - język programowania zawierający zbiór narzędzi przydatnych do analizy i wizualizacji danych), jednak bibliografia dotycząca samych języków nie jest cytowana.

- Odnosnie języka AWK cytowanie powinno mieć formę:

The AWK Programming Language (1988) Alfred V Aho, Brian W. Kernighan, Peter J. Weinberger (Pub Addison-Wesley, Reading, Mass., 210 pp.)

Ponieważ obecnie istnieje kilka wersji języka AWK, każda z różnymi implementacjami, należało podać w jakiej wersji języka zostało przygotowane oprogramowanie cytowane w autoreferacie.

- W odniesieniu do języka R cytowanie powinno mieć formę:

R Core Team (2018). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria

6.3. Zauważono dwukrotne powtórzenie litery "z z" (str. 17, wiersz 14 od dołu)

Wnioski końcowe

Każda z aktywności Habilitanta została oceniona oddzielnie, a sformułowane wnioski znajdują się powyżej, w podsumowujących akapitach.

Reasumując pragnę stwierdzić, iż dr inż. Witold Dyrka legitymuje się oryginalnym i znaczącym dorobkiem w dyscyplinie inżynieria biomedyczna z zakresu modelowania wybranych zagadnień bioinformatycznych. Zarówno przedstawiony do oceny zbiór publikacji w postaci serii artykułów jak i łączny dorobek naukowy zawierają elementy będące oryginalnym osiągnięciem Habilitanta. Obok zbudowanych webserwisów oraz oprogramowania do modelowania i wyszukiwania motywów białkowych, autor zadbał w tym ostatnim przypadku o walidację eksperymentalną wyników uzyskanych metodą *in silico*. Można również zauważyć, że Kandydat aktywnie zabiega o promocje stworzonych aplikacji prezentując je na konferencjach i współpracując z firmami wykorzystującymi zbudowane przez niego programy. Skutkuje to również wykorzystaniem metod bioinformatyki w działalności dydaktycznej.

Dorobek Habilitanta scharakteryzowany wskaźnikami scjentometrycznymi jest znaczący, a wyniki badań były wielokrotnie cytowane w publikacjach badaczy, którzy reprezentują różne międzynarodowe i krajowe instytucje naukowe.

Pan dr Witold Dyrka ma potwierdzone kilkuletnie kontakty z dużymi i silnymi, międzynarodowymi zespołami naukowców. Dowodzi to wysokich umiejętności dotyczących nawiązywania współpracy oraz podejmowania wspólnych badań i publikowania wyników w artykułach sygnowanych przez wielu autorów.

Analiza dorobku naukowego Dr Dyrki wskazuje na dużą aktywność Habilitanta w zakresie ogólnie pojętej współpracy międzynarodowej. Kandydat odbył trzy długie staże (roczny, dwuletni i miesięczny) w zagranicznych ośrodkach naukowo-badawczych, realizował projekty i prowadził badania we współpracy z naukowcami z ośrodków zagranicznych, a także ma w swoim dorobku recenzje publikacji innych autorów, które ukazały się w wydawnictwach o zasięgu międzynarodowym.

Osiągnięcia dydaktyczne Kandydata, który w krótkim czasie (3 lata) wypromował łącznie ponad 20 studentów, pomagając im osiągnąć stopień magistra inżyniera lub inżyniera, należy ocenić wysoko. Działalność organizacyjna Habilitanta jest udokumentowana aktywnościami, głównie w zakresie prac na rzecz Politechniki Wrocławskiej oraz Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego i spełnia wymagania stawiane w ustawie.

Uwzględniając wszystkie elementy oceny, tj. osiągnięcie naukowe, aktywność naukową, działalność dydaktyczną i organizacyjną dr. inż. Witolda Dyrki stwierdzam, że spełnia w wystarczającym stopniu wymagania stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego zawarte w obowiązującej ustawie o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki określone w art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (j. t. Dz. U. 2020 r. poz. 85, z późn. zm.).

W związku z wyrażoną opinią uważam, że omawiany dorobek dr inż. Witolda Dyrki może stanowić podstawę do nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie Nauki inżynieryjno-techniczne w dyscyplinie Inżynieria Biomedyczna i wnoszę o dopuszczenie Habilitanta do dalszych etapów postępowania habilitacyjnego.