CENTRUM NOWYCH TECHNOLOGII
Wydział Matematyki i Nauk Informacyjnych
POLITECHNIKA WARSZAWSKA

Laboratory of Bioinformatics and Computational Genomics LBIGO
Faculty of Mathematics and Information Science, Warsaw University of Technology
ul. Koszykowa 75, 00-662 Warsaw, Poland

Warszawa, 29.12.2021

Laboratory of Functjonal and Structural Genomics LFSG
Centre of New Technologies, University of Warsaw
Banacha 2c Street, 02-097 Warsaw, Poland

Sźdwd, 29/12/2021

Prof. dr hab. Dariusz Plewczyński
Laboratorium Bioinformatyki i Genomiki Obliczeniowej
Wydział Matematyki i Nauk Informacyjnych, Politechnika Warszawska
Laboratorium Genomiki Funkcjonalnej i Strukturalnej
Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski

RECENZJA osiągnięcia naukowego i OCENA dorobku naukowego przedstawionego w ramach rozprawy habilitacyjnej dr Witolda Dyrki w dziedzinie nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie inżynieria biomedyczna

Recenzja została wykonana w związku z postępowaniem habilitacyjnym dr Witolda Dyrki na podstawie decyzji Rady Doskonałości Naukowej z dnia 27 września 2021 roku w sprawie powołania prof. dr hab. Dariusza Plewczyńskiego w skład komisji habilitacyjnej w roli recenzenta, przekazanej pismem do Rektora Politechniki Śląskiej w Gliwicach.

Postępowanie habilitacyjne dr Witolda Dyrki jest realizowane przez Radę Dyscypliny Inżynieria Biomedyczna na Politechnice Śląskiej w Gliwicach, której przewodniczy prof. dr hab. inż. Marek Gzik. Recenzent otrzymał materiały niezbędne do przygotowania opinii na temat przyznania tytułu doktora habilitowanego w dniu 21 listopada 2021 roku w formie papierowej oraz elektronicznej (jako pamięć USB przesłana pocztą) o czym niezwłocznie powiadomił e-mailem Panią mgr inż. Patrycję Turziak reprezentującą prof. dr hab. inż. Marka Gzika i przystąpił do przygotowania recenzji. Otrzymano wniosek przewodni, dane wnioskodawcy, wykaz osiągnięć oraz kopię dyplomu doktora nauk technicznych. Dodatkowo w wersji elektronicznej kopie prac, oświadczenia współautorów, kopie świadectw pracy oraz kopię decyzji o otrzymaniu finansowania na realizację projektu naukowego.

Kandydat przygotował cykl siedmiu publikacji powiązanych tematycznie skupiających się na bioinformatycznej charakteryzacji i modelowaniu amyloidów sygnałowych w układzie odpornościowym grzybów i bakterii wielokomórkowych,

które ukazały się po obronie doktoratu. Wcześniejsza praca doktorska dr Witolda Dyrki, obroniona z wyróżnieniem, poświęcona była innym zagadnieniom związanym z modelowaniem struktury trójwymiarowej kanałów jonowych pt. „Structure prediction of a protein channel based on probabilistic formal grammars and the continuous jon flow model". Została przygotowana pod kierunkiem prof. dr hab. inż. Małgorzaty Kotulskiej, obroniona w dziedzinie nauk technicznych w dyscyplinie biocybernetyka i inżynieria biomedyczna w Instytucie Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej im. Macieja Nałęcza PAN. Recenzentami byli prof. dr hab. inż. Juliusz L. Kulikowski oraz prof. dr hab. inż. Andrzej Polański. Stopień został nadany uchwałą Rady Naukowej Instytutu IBIB PAN dnia 31 stycznia 2012 roku.

l. Recenzja zaprezentowanego osiągnięcia naukowego

Przedstawione osiągnięcie naukowe dr Witolda Dyrki składa się z serii siedmiu artykułów o wspólnej tematyce opublikowanych w punktowanych międzynarodowych czasopismach po otrzymaniu doktoratu (rok 2012). Dodatkowo Kandydat przedstawił omówienie w języku polskim zawartych w nich wyników, co składa się na autoreferat wraz z danymi bibliograficznymi. Przedstawione artykuły opublikowane w latach 2014-2021 mają charakter wieloautorski, w czterech publikacjach kandydat jest pierwszym autorem, zaś w trzech jest współautorem, w tym w dwóch na pozycji drugiej. Dodatkowo załączono oświadczenia współautorów o wkładzie w opublikowane badania potwierdzające istotną rolę dr Dyrki w prowadzonych badaniach naukowych. Impact factor publikacji (5-IF) oscyluje w okolicach 4, najwyższy współczynnik ma praca o IF=5.228 (2015) w czasopiśmie Scientific Reports o trzech autorach (A. Daskalov, W. Dyrka, S.J. Saupe) w którym dr Dyrka jest trzecim autorem. Sumaryczny IF (2014-2019) publikacji wynosi 27.447, co jest słabym wynikiem jak na kandydata do tytułu doktora habilitowanego, które znajduje odzwierciedlenie w niezbyt wysokim indeksie h Habilitanta (9).

Chciałbym jednak zwrócić uwagę Szacownej Rady Dyscypliny oraz Rady Doskonałości Naukowej, na zaproponowany i zrealizowany przez Kandydata rozwój innowacyjnych metod teoretycznych w oparciu o probabilistyczne gramatyki bezkontekstowe i ich zastosowania do modelowania sekwencji amyloidowych. Odnoszę wrażenie, że kandydat do stopnia doktora habilitowanego wykazał się tutaj dużą determinacją, uwagą, regularną pracą, ale też ciekawością poznawczą w łączeniu zaawansowanych modeli lingwistyki formalnej, uczenia maszynowego, analizy i wizualizacji danych, oraz zagadnień inżynierii biomedycznej, bioinformatyki i biologii obliczeniowej. Podkreślić należy rozsądne wykorzystywania danych doświadczalnych w treningu oraz dużą wiedzę w tematyce amyloidów. Przedstawione publikacje Habilitanta są więc wartościowym krokiem w kierunku zrozumienia istotnych funkcjonalnie cech sekwencji amyloidów oraz wykorzystują dodatkowo informację strukturalną (kontakty między aminokwasami).

Tytuł osiągnięcia naukowego Kandydata: „Bioinformatyczna charakteryzacja i modelowanie amyloidów sygnałowych w układzie

odpornościowym grzybów i bakterii wielokomórkowych" jest poprawnie dobrany, choć może nie podkreśla istotnego dokonania związanego z metodologią analizy sekwencji białek nie wymagającą uliniowienia. Dr Dyrka opracował nowatorskie podejście oparte o probabilistyczne gramatyki bezkontekstowe. Dzięki temu podejściu opracował modele i algorytmy identyfikacji meta-rodzin motywów w oparciu o podobieństwo sekwencyjne, strukturalne i funkcyjne, co wykracza poza wykrywalne na podstawie uliniowień powiązania ewolucyjne.

Podsumowanie zaprezentowane przez Autora w Autoreferacie sugeruje możliwość udowodnienia wczesnego ewolucyjnie pochodzenie mechanizmu nieswoistej odpowiedzi odpornościowej opartego o białka NLR. Dzięki nowym metodom bioinformatycznym dodatkowo udowodniono rozpowszechnienie amyloidów sygnałowych powiązanych z białkami NLR, co określa ich również pierwotny charakter. Kandydat dzięki zaprezentowanej i przetestowanej metodologii mógłby zająć się szerzej również innymi przypadkami, które określiłyby wczesne ewolucyjnie mechanizmy immunologiczne. Warto byłoby zamieścić opis wstępnych wyników dla innych układów białek wykorzystujących podobny mechanizm sygnałowy. Taki wynik miałby istotne znaczenie w biologii ewolucyjnej i immunologii oraz być może w immunogenomice ewolucyjnej.

Dodatkowo Kandydat zebrał dwa bardzo szerokie zbiory amyloidów sygnałowych (HRAM i BASS), co umożliwia trening nowych metod uczenia maszynowego, czy wcześniej niewykonalne analizy porównawcze na tym samym zbiorze danych. Autor wspomina, że został przez Niego uogólniony model amyloidów sygnałowych w oparciu o gramatyki wykorzystujący zgromadzone dane. Meta-model umożliwia wyszukiwanie podobnego typu motywów z większą dokładnością niż wcześniej stosowane metody. Na koniec Kandydat wspomina o opracowaniu nowych miar oceny jakości i metod interpretacji tworzonych deskryptorów, co jest istotnym dokonaniem.

Poniżej zamieszczam spis publikacji składających się na osiągnięcie habilitacyjne dr Witolda Dyrki:

[CI] W. Dyrka, M. Lamacchia, P. Durrens, B. Kobe, A. Daskalov, M. Paoletti, D. J. Sherman, S.J. Saupe. Diversity and variability of NOD—1ike receptors in fungi. Genome Biology and Evolution 2014, 6:3137-3158. 5-1 F: 3. 926, IF (2014) : 4.229, MNiSW
(2014) : 35, cytowania: 12

[C 2] A. Das ka lov , W. Dyrka, S.J. Saupe . Theme and varia ti ons: evolutionary di versifi ca tion of the HE T—s functional amyloid mot i f. Scientific Reports 2015, 5: 12494 . 51 F: 4 .576, IF (2015) : 5.228, MNiSW (2015) : 40, cytowania: 4

[C 3] M. Lamacchia, W. Dyrka, A. Breton, S.J. Saupe, M. Paoletti. Overlapping Podospora anserina transcriptional responses to bacterial and fungal non self indicate a mul tilayered inna te immune response. Frontiers in Microbiology

2016, 7 : 471. 5-1 F: 4 . 926, 1 F (2016) : 4. 076, MNisw (2016) : 35, cytowania: 8

[C4] B. M. Konopka, M. Marciniak, W. Dyrka, Quantiprot a Python package for quantitative analysis of protein sequences. BMC Bioinformatics 2017 , 18: 339. 5-1F: 3.213, (2017) : 2.213, MNiSW (2017) : 35

[C5] W. Dyrka, M. Pyzik, F. Cos te, H. Tali bart, Est ima ting probabilistic con text—free grammars for proteins using con tac t łnap constraints. PeerJ 2019 7 :e6559. 5-TE: 2.810, TF (2019) : 2 .379, MNiSW (2019) : 100, cytowania: 1

[C 6] W. Dyrka, V. Coustou, A. Daskalov, A. Lends, T. Bardin, M. Berbon, B. Kauf f— mann, C. Blanchard, B. Salin, A.

Loquet, S.J. Saupe. Identifica tion of NLR—associa ted amyloid si gna ling motifs in bacterial genomes. Journal of Molecular Biology 2020 432 (23) : 6005-6027. 5-1F•. 4.783, (2019) : 4.760, MNisw (2020) : 140

[C 7] W. Dyrka, M. Gąsior—Głogowska, M. Szefczyk, N. Szulc. Searching for uni versa 1 model of amyloid si gna ling motifs using probabilistic con text—free grammars. BMC Bioinformatics 2021 22:222. 5-1F: 3.213, (2019) : 3.242, MNiSW (2021) : 100

Zamieszczone w powyższych publikacjach wyniki precyzyjnie definiują osiągnięcie naukowe przedstawione przez Habilitanta. Zgodnie z wymogami stopnia doktora habilitowanego przedstawione prace są spójne tematycznie. Wartość naukowa zawarta w pracach została obiektywnie oceniona przez recenzentów w sześciu międzynarodowych czasopismach w których ukazały się manuskrypty. Moją rolą jako recenzenta w procesie habilitacyjnym jest raczej szersza ocena wartości i jakości samego odkrycia. Weryfikację opisanych w publikacjach danych doświadczalnych, metodologii komputerowej analizy danych pozostawić należy czytelnikom, recenzentom oraz środowisku naukowemu inżynierii biomedycznej. Średnio jedna praca rocznie wchodząca w skład przedstawionego osiągnięcia od 2014 roku do 2021 stanowi potwierdzenie spójnego rozwoju naukowego Kandydata.

Pierwsza z prac cyklu [Cl] skupia się na bioinformatycznej analizie rodziny białek NLR w królestwie grzybów, które wchodzą w skał adaptacyjnego systemu immunologicznego. Dr Dyrka wykonał większość prac bioinformatycznych, uczestniczył w planowaniu i pisaniu manuskryptu, przygotowaniu części Figur publikacji. Zaprojektował i zaimplementował złożone potoki zbierania, przetwarzania i analizy danych.

W drugiej pracy cyklu [C2] przedstawia wyniki analizy amyloidowego motywu sygnałowego HET-s. Stworzono zbiór motywów HRAM podobnych do HET-s. Zwrócić należy uwagę na skonfrontowanie przewidzianych kontaktów ze strukturą przestrzenną białek. Habilitant zaplanował i przygotował większość procedur bioinformatycznych, w tym opracował procedurę identyfikacji motywów HRAM o wysokiej czułości i specyficzności. Wykonał analizę skupień motywów sekwencyjnych. Przygotował również część Figur w publikacji

ilustrujących wyniki, opisał w publikacji stworzony potok przetwarzania danych, oraz przedstawił zaimplementowaną metodologię.

W trzeciej pracy cyklu [C3] zawierającej porównanie zmian w transkrypcji genomu grzyba Podospora anserina w dwóch przypadkach ilustrujących dwupoziomowy model odpowiedzi immunologicznej. Dzięki podobieństwu transkrypcji w reakcji niekompatybilności heterokariotycznej oraz w trakcie odpowiedzi na infekcję bakteriami Serratia, autorzy wykazali rolę białek NLR indukujących śmierć komórki jako ostatnią linią obrony immunologicznej. Kandydat wykonał część analiz bioinformatycznych, dość standardowych: szukanie homologów, identyfikacja ortologów, charakteryzacja adnotacji. Brał udział w przygotowaniu wizualizacji danych oraz w przygotowaniu tekstu publikacji.

Z kolei w pracy [C4] stanowiącej typowe „application note" przedstawiony został pakiet quantiprot dostarczający klasy i funkcje związane z ilościową charakteryzacją sekwencji białek w oparciu o analizę rekurencji oraz n-gramy. Kandydat był pomysłodawcą oraz głównym wykonawcą pakietu programistycznego, oraz wiodącym autorem tekstu publikacji oraz zawartych w niej figur. Podkreślić należy, że pakiet został udostępniony poprzez Python Package Index, jest indeksowany w kanale Bioconda, zaś kod źródłowy w języku python został udostępniony na licencji MIT i znajduje się w repozytorium git.escience.pl/wdyrka/quantiprot.

Praca [C5] skupia się na zastosowaniu probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych do modelowania sekwencji białek. Kandydat poprzez wykorzystanie informacji o kontaktach między aminokwasami uzyskał lepszą dyskryminację modeli i wyższą zgodność deskryptorów ze strukturą fragmentów białek. Metoda została zastosowana do zbioru amyloidów typu HET-s i porównana do modeli Markova. Co więcej probabilistyczne gramatyki bezkontekstowe mogą służyć do modelowania meta-rodzin wielu motywów białkowych. Dr Dyrka zaproponował nowatorskie podejście, był głównym wykonawcą oraz autorem publikacji. Opracowany program w języku C++ został udostępniony na licencji GNU Public License v3.0 i znajduje się w repozytorium git na portalu e-science.pl.

Publikacja [C6] zawiera zidentyfikowane 10 rodzin motywów amyloidowych BASS w bakteriach i archeonach uzyskanych dzięki modelowaniu statystycznym oraz analizie skupień. Stanowi to system odpowiedzi immunologicznej analogiczny do NLR w grzybach i wykazuje agregację krzyżową pomiędzy amyloidami bakteryjnymi i ludzkimi. Wybrane typy motywów zostały pozytywnie zweryfikowane eksperymentalnie. Wkład Kandydata polega na udziale w konceptualizacji projektu, zaprojektowaniu, implementacji oraz opisie potoków przetwarzania bioinformatycznego. Dodatkowo zidentyfikował białka Bell i NLR przeszukując ponad 120 tysiące genomów bakterii oraz archeonów. Przygotował część tabel oraz ilustracji w publikacji, oraz część tekstu.

Ostatnia publikacja stosuje probabilistyczne gramatyki bezkontekstowe do modelowania amyloidów sygnałowych. Proces uczenia gramatyk wykonany został na zbiorze 10 rodzin motywów BASS z bakterii. Modele te mogą służyć do wykrywania innych tego typu motywów przy zachowaniu wysokiej specyficzności. Podkreślić należy, że jest to jedyna ówcześnie dostępna metoda budująca modele dla meta-rodzin. Kandydat był pomysłodawcą i jedynym programistą, bioinformatykiem oraz głównym autorem artykułu. Kod źródłowy w języku C++ został udostępniony na licencji GNU Public License v3.0 w repozytorium git portalu e-science.pl.

Podsumowując, Kandydat przedstawił cykl powiązanych tematycznie siedmiu publikacji pod zbiorczym tytułem „Bioinformatyczna charakteryzacja i modelowanie amyloidów sygnałowych w układzie odpornościowym grzybów i bakterii wielokomórkowych" . Dodatkowym uzupełnieniem cyklu recenzowanych publikacji z punktowanych czasopism są trzy rozdziały w monografiach naukowych. Wyniki zaprezentowane w publikacjach były także weryfikowane w trakcie referatów ustnych (trzy wystąpienia) oraz w formie plakatów (na czterech konferencjach).

Centralnym wynikiem zestawu prac jest modelowanie motywów sekwencyjnych metodami lingwistyki formalnej [C4], ocena gramatycznych deskryptorów sekwencji białkowych, wykorzystanie map kontaktów w uczeniu probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych [C5], alternatywne metody uczenia probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych oraz na koniec propozycja uogólnionej gramatyki amyloidów sygnałowych [C7]. Zauważyć należy też regularną autorską submisję rozwijanego przez Kandydata oprogramowania do publicznie dostępnych repozytoriów (np. git), co nadal niestety nie jest jeszcze standardem w codziennej pracy bioinformatyków. Chciałbym taką dobrą praktykę naukową podkreślić i pochwalić.

Istotnym potwierdzeniem samodzielności naukowej Kandydata wg. recenzenta są właśnie wyniki zamieszczone w tej siódmej [C7] i ostatniej pracy cyklu gdzie Habilitant zarówno przeprowadził omawiane powyżej badania teoretyczne in Silico a dodatkowo zainicjował walidację doświadczalną wybranych motywów sekwencyjnych przewidzianych przez gramatyki jako amyloidy sygnałowe. Doświadczenia zostały wykonane przy wykorzystaniu zsyntezowanych przez dr M. Szefczyk z Wydziału Chemicznego PWr związków oraz zweryfikowane eksperymentalnie metodami spektroskopii bliskiej podczerwieni, mikroskopii sił atomowych oraz barwienia Congo Red przez dr M. Gąsior-Głogowską z Wydziału Podstawowych Problemów Techniki Politechniki Wrocławskiej.

Krótki czas który upłynął od ukazania się ostatniej publikacji Habilitanta utrudnia ocenę i bardziej precyzyjne oszacowanie liczby spodziewanych cytowań w kolejnych latach, które wiążą się z wpływem osiągnięć Dr. Dyrki na wybraną przez Niego jako habilitacyjną dyscyplinę nauki. Czy zaproponowana metodologia probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych do modelowania sekwencji białek rozwijana w kontekście amyloidów, którą można zastosować do innych

problemów biologii molekularnej, zróżnicowanych zbiorów danych zawierających sekwencje białkowe, uwzględnienie cech strukturalnych w celu opisania za pomocą tego podejścia związku między sekwencją, strukturą i funkcją istotnie wpłynie na zrozumienie tej relacji? Myślę, że dowiemy się w nadchodzących latach wraz z dalszym wzrostem liczby cytowań.

Podsumowując, chciałbym przytoczyć najważniejsze wg. Kandydata osiągnięcia bioinformatyczne w dyscyplinie inżynierii biomedycznej składające się na zaprezentowany cykl powiązanych tematycznie artykułów naukowych:

- zaprojektowanie i implementacja potoku bioinformatycznego do identyfikacji i analizy białek rodziny NLR oraz powiązanych z nimi amyloidów sygnałowych [Cl, C2, C6];

- zastosowanie opracowanego algorytmu do identyfikacji i charakteryzacji białek NLR w grzybach, co umożliwiło do uznania białek NLR za część systemu nieswoistej odpowiedzi odpornościowej grzybów [Cl];

- zastosowanie potoku bioinformatycznego do identyfikacji rodzin amyloidów sygnałowych HRAM w grzybach i BASS w bakteriach [C2, C6];

' poprawienie dokładności detekcji amyloidów sygnałowych u grzybów i bakterii [C2, C6];

- zaproponowanie i zaimplementowanie probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych do modelowania sekwencji białkowych, które poprawiły jakość detekcji w porównaniu do wcześniej używanych profili ukrytych modeli Markova [C5];

- opracowanie nowatorskiego schematu uczenia gramatyk z wykorzystaniem map kontaktów, czyli informacji trójwymiarowej [C5];

- zaproponowanie i napisanie kodu programistycznego tworzącego unikalny pakiet oprogramowania PCFG-CM do łatwego zastosowań probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych do modelowania i analizy sekwencji białkowych [C5, C 7];

- zaproponowanie uogólnionego modelu amyloidów sygnałowych o wyższej czułości detekcji dzięki praktycznemu wykorzystaniu probabilistycznych gramatyk bezkontekstowych [C7].

Il. Ocena dorobku naukowego, dydaktycznego i organizacyjnego

Dr Witold Dyrka obronił pracę doktorską pt. „Structure prediction of a protein channel based on probabilistic formal grammars and the continuous jon flow model" uzyskując stopień doktora nauk (PhD) w dziedzinie nauk technicznych w dyscyplinie biocybernetyka i inżynieria biomedyczna. Praca

została przygotowana w 2012 roku pod kierunkiem profesor dr hab. inż. Małgorzaty Kotulskiej.

Po obronie doktoratu Habilitant odbył dwuletni staż podoktorski (20122014) we francuskim instytucie naukowym INRIA Bordeaux we Francji w zespole MAGNOME prof. Davida Shermana pracując nad tematem „Grammar inference for generative modeling of pathogen recognition". Następnie odbył już tylko jedno-miesięczny pobyt w 2015 roku w CNRS, Bordeaux, Francja, który trudno zaliczyć jako drugi niezależny staż podoktorski. Po powrocie pracował przez rok jako asystent naukowo-badawczy na Wydziale Podstawowych Problemów Techniki w Instytucie Inżynierii Biomedycznej i Pomiarowej na Politechnice Wrocławskiej. Od 2016 roku pracuje w Katedrze Inżynierii Biomedycznej na Politechnice Wrocławskiej najpierw jako adiunkt naukowy (do 2019 roku) a następnie jako adiunkt badawczo-dydaktyczny.

Habilitant kierował do tej pory pojedynczym własnym projektem badawczym od marca 2016 do lipca 2019 roku uzyskanym w ramach konkursu SONATA o numerze 2015/17/D/ST6/04054 pt. „Lingwistyka formalna w proteomice — modelowanie, analiza i porównanie hipotez" z budżetem 472 200 zł. Dr Witold Dyrka był po doktoracie wykonawcą w jednym projekcie polskim oraz jednym zagranicznym, oraz wiodącym naukowcem w jednym projekcie polskim. Dodatkowo od 2020 roku jest wykonawcą w grancie Narodowego Centrum Nauki OPUS 2019/35/B/NZ2/03997 pt. „Wyznaczenie wzorów interakcji krzyżowych między białkami amyloidowymi" pracując pod kierownictwem znanej międzynarodowo specjalistki tematyki amyloidów w Polsce prof. Małgorzaty Kotulskiej.

Sumaryczny impact factor według listy Journal Citation Reports (JCR), zgodnie z rokiem opublikowania wynosi 48.892, w tym przed doktoratem 6.818 zaś po doktoracie 42.074, co jest przeciętnym wynikiem. Liczba cytowań publikacji według bazy Web of Science (WOS) wynosi dla wszystkich artykułów: 169, w tym bez autocytowań jakiegokolwiek autora: 96, a wyłączając samo cytowania: 155. Publikacje przed doktoratem to 39 cytowań (w tym 25 bez autocytowań), zaś po doktoracie to 130 (w tym 71 bez autocytowań).

Wzmiankowany Indeks Hirscha według bazy Web of Science (WOS) dla dr. Witolda Dyrki wynosi 7. Wypracowana punktacja ministerialna z roku publikacji wynosi 744, w tym 94 przed doktoratu, do 2018 265, zaś od 2019 do dziś 385.

Dorobek publikacyjny Kandydata nie wchodzący w skład osiągnięcia naukowego obejmuje 2 artykuły badawcze przed doktoratem o IF rzędu 3, oraz 4 po doktoracie. W sumie całkowity dorobek dr Witolda Dyrki obejmuje 13 pozycji w punktowanych czasopismach oraz sześć opublikowanych rozdziałów w monografiach naukowych (3 po doktoracie). Jest to niestety niezbyt wiele jak na prawie 10 okres rozwoju naukowego po doktoracie, obejmujący dwuletni okres stażu po-doktorskiego.

Habilitant wygłosił w tym czasie pięć (w sumie dziewięć) referatów na polskich i międzynarodowych konferencjach tematycznych, oraz zaprezentował pięć (w sumie w trakcie całej kariery naukowej 15) posterów na konferencjach w Polsce i poza granicami kraju, wygłosił trzy komunikaty ustne. Opracował trzy pakiety oprogramowania naukowego.

Habilitant ma udokumentowane osiągniecia dydaktyczne na kierunku Inżynieria biomedyczna na Wydziale Podstawowych Problemów Techniki Politechniki Wrocławskiej. Unowocześnił programu nauczania informatyki poprzez przygotowanie i wprowadzenie nowych kursów: Wprowadzenie do programowania i Techniki programowania dla I stopnia oraz Języki programowania do zastosowań biomedycznych dla II stopnia. Prowadził Wstęp do bioinformatyki dla I stopnia na specjalności informatyka medyczna. Pełna lista uruchomionych, zmodernizowanych i prowadzonych wykładów obejmuje siedem pozycji od 2013 roku.

Dr Witold Dyrka opiekował się z sukcesem czwórką magistrantów oraz był promotorem piętnastu prac inżynierskich obronionych na kierunku inżynieria biomedyczna na Wydziale Podstawowych Problemów Techniki Politechniki Wrocławskiej. Dwie prace magisterskie powstały w języku angielskim, dwie prace powstały we współpracy z jednostkami zewnętrznymi (szpital i uczelnia).

Kandydat nie wypromował żadnego doktoranta. Nie wykazuje funkcji promotora pomocniczego czy opiekuna naukowego doktoranta, co jest poważnym problemem, który nie można wytłumaczyć zagranicznym trybem rozwoju kariery naukowej.

Kandydat był członkiem komitetu programowego (2013) oraz organizacyjnego (2018) Sympozjum Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego, oraz współprzewodniczącym (2018) i członkiem komitetu programowego (2020) International Conference on Grammatical Inference. Są to tylko dwie konferencje: polska i międzynarodowa. Habilitant nie prowadził również warsztatów czy popularnonaukowych wykładów, a przynajmniej nie informuje o tym w wyraźny sposób. Może to dziwić w sytuacji kiedy jest autorem wyspecjalizowanego oprogramowania, które może znaleźć zastosowanie w analizach sekwencji białkowych i peptydowych w wielu projektach naukowych. Recenzent nie był w stanie samodzielnie zweryfikować istnienia takich wystąpień, tak więc musimy roboczo założyć, że ich nie było.

Kandydat nie może również wykazać się żadnymi wykonanymi ekspertyzami, udziałem w zespołach eksperckich i konkursowych (z wyjątkiem komisji konkursu PTBI na najlepszą pracę licencjacką i inżynierską, oraz rolą recenzenta PTBI w konkursie na najlepszą pracę magisterską), czy funkcją recenzenta w projektach międzynarodowych i krajowych.

Kandydat po doktoracie podjął się pełnienia funkcji recenzenta publikacji w sześciu czasopismach międzynarodowych o punktacji ministerialnej równiej 100 lub 140 (Machine Learning i Scientific Reports).

Dr Witold Dyrka nie bierze udziału w komitetach redakcyjnych i radach naukowych czasopism. Od roku 2010 roku jest członkiem Polskiego Towarzystwa Bioinformatycznego.

Interesująco prezentuje się informacja o współpracy z otoczeniem gospodarczym, w tym wykaz dorobku technologicznego, współpraca z firmami komercyjnymi oraz wdrożona technologia platformy webowej pathoplatform.

Kandydat nie otrzymał nagród i wyróżnień (poza wyróżnieniem pracy doktorskiej), nie brał również udziału w międzynarodowych konsorcjach i sieciach badawczych. Co więcej nie ma też doświadczenia w kierowaniu projektami realizowanymi w rozległej współpracy z naukowcami z innych ośrodków polskich lub zagranicznych. Ma pewne doświadczenie we współpracy z przedsiębiorcami.

Brak wypromowanego co najmniej jednego doktoranta oraz nieprzekonująca aktywność organizacyjna, niewielka aktywność recenzencka i popularyzatorska budzi spore wątpliwości Recenzenta. Jednak zauważalny dorobek dydaktyczny, publikacyjny, konferencyjny Habilitanta, opracowane pakiety oprogramowania udostępnione na licencji otwartej, współpraca z otoczeniem gospodarczym stanowią wystarczające uzupełnienie podstawowego osiągnięcia naukowego przedstawionego w procesie habilitacyjnym. Stanowi też dobry prognostyk na przyszłość i dalszy rozwój kariery naukowej Habilitanta.

III. Wniosek końcowy

Dorobek naukowy i wybrane osiągnięcie naukowe przedstawione w formie cyklu siedmiu publikacji nt. „Bioinformatyczna charakteryzacja i modelowanie amyloidów sygnałowych w układzie odpornościowym grzybów i bakterii wielokomórkowych” dr Witolda Dyrki, jak również Jego dorobek dydaktyczny, naukowy i konferencyjny spełniają ustawowe i zwyczajowe warunki do ubiegania się o stopień naukowy doktora habilitowanego, o których mowa w 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.).

Wnoszę zatem o dopuszczenie kandydata do dalszych etapów postępowania habilitacyjnego.

Prof. dr hab. Dariusz Plewczyński, Principal Investigator
Laboratorium Bioinformatyki i Genomiki Obliczeniowej
Wydział Matematyki i Nauk Informacyjnych, Politechnika Warszawska ul. Koszykowa 75, 00-662 Warszawa, Polska
Laboratorium Genomiki Funkcjonalnej i Strukturalnej
Centrum Nowych Technologii, Uniwersytet Warszawski
ul. Banacha 2c, 02-097 Warszawa, Polska