

Dr hab. Luiza Handschuh, prof. ICHB PAN
Pracownia Genomiki
Instytut Chemii Bioorganicznej PAN
ul. Noskowskiego 12/14
luizahan@ibch.poznan.pl

Poznań, 28.12.2023

Uniwersytet Jagielloński
Rada Dyscypliny Nauki Biologiczne
ul. Gronostajowa 7
30-387 Kraków

**Recenzja dorobku naukowego dr Guillem Ylla Bou
w postępowaniu w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego
w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne**

PRZEDSTAWIENIE SYLWETKI HABILITANTA

Dr Guillem Ylla Bou ukończył dwustopniowe studia na Uniwersytecie w Vic (*University of Vic*) w Katalonii, uzyskując w 2012 r. licencjat w dziedzinie biotechnologii, a w 2014 r. stopień magistra analizy danych omicznych. Doktorat w dziedzinie medycyny uzyskał w roku 2018 w Instytucie Biologii Ewolucyjnej Uniwersytetu Pompeu Fabra (*Institute of Evolutionary Biology, CSIC - Pompeu Fabra University*) w Barcelonie, na podstawie rozprawy pt. „*Comparative transcriptomics of hemimetabolan and holometabolan metamorphosis*”, wykonanej pod kierunkiem dwojga promotorów, dr. Xaviera Bellesa i dr Marii Dolors Piulachs. Już na tym etapie kariery był autorem 5 publikacji naukowych.

Dr Guillem Ylla Bou jest badaczem uprawiającym naukę bez granic. Jak podaje w autoreferacie, jego kariera akademicka toczyła się na ośmiu uniwersytetach w ośmiu różnych miastach na trzech kontynentach. Jeszcze w trakcie studiów na Uniwersytecie w Vic odbył dwa niezwiązane z biologią staże (z zakresu języka i kultury) na chińskich uczelniach: trzymiesięczny na *Beijing Language and Culture University* (2011 r.) i półroczny na *Dalian University of Foreign Language*. W trakcie studiów doktorskich przez trzy miesiące prowadził badania sieci mikroRNA w *Computational Systems Biology Laboratory* na *National Yang-Ming University* w Taipei (Tajwan). Po doktoracie z kolei odbył dwa staże podoktorskie w USA: roczny w *Laboratory of Genomics of Gene Expression* na *University of Florida* w Gainesville, FL i trzyletni na *Harvard University* w Cambridge, MA. Od listopada 2021 r. kieruje własnym laboratorium - Pracownią Bioinformatyki i Biologii Genomu na Uniwersytecie Jagiellońskim w Krakowie. W trakcie tego krótkiego okresu opublikował 7 prac (wg wykazu osiągnięć złożonego wraz z wnioskiem 4) i zdobył środki na finansowanie badań (grant NCN Sonata pt. „*Functional roles of somatic piRNAs and their evolution*” na lata 2022-2026). Jest także mentorem dwójki młodych badaczy, którzy zdobyli własne granty (Polonez Bis i Miniatura) realizowane pod jego opieką.

Jest autorem 20 publikacji naukowych (wg wykazu osiągnięć złożonego wraz z wnioskiem 18) w takich czasopismach jak *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *Nature Ecology & Evolution*, *Molecular Biology and Evolution*, *Communications Biology*, *Bioinformatics*, *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, *BMC Genomics*, *Molecular Ecology*, *Current Opinion in Insect Science*, *Current Topics in Developmental Biology*, *FEBS Journal*, *Scientific Reports* czy *iScience*. Zgodnie z danymi podanymi przez habilitanta, 18 artykułów opublikowanych przez niego do czasu złożenia wniosku o nadanie stopnia doktora habilitowanego, posiadało łączny współczynnik oddziaływania (*impact factor*)

113 (wg *Journal Citation Reports*, 2021) i było cytowanych 399 razy (386 razy nie licząc autocytowań, wg. *Google Scholar*). Według bazy *Web of science* liczba cytowań wynosiła 276 (244 bez autocytowań). Indeks Hirscha podany przez habilitanta wynosił 9. Zgodnie z informacją uzyskaną przez mnie na stronie *Web of Science* dnia 28 grudnia 2023 r., dr Guillem Ylla posiada indeks Hirscha 8 i jest współautorem 20 artykułów naukowych z łączną liczbą cytowań 344 (317 bez autocytowań).

Warto wspomnieć, że na swoim koncie habilitant ma również założenie startupu *Biocloud Services*, którym kierował w latach 2015-2018, a w roku 2023 nawiązał współpracę z firmą BGI Genomics w celu organizowania wymiany studenckiej i staży podoktorskich.

OMÓWIENIE I OCENA OSIĄGNIĘĆ

Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe, na podstawie którego dr Guillem Ylla Bou ubiega się o nadanie mu stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauki biologiczne, nosi tytuł **„Podejścia omiczne rzucające światło na ewolucję i rozwój zwierząt”** (ang. *„Omics approaches to shed light on animal evolution and development”*). Osiągnięcie stanowi cykl sześciu powiązanych tematycznie artykułów opublikowanych w czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym, ujętych w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art. 267 ust. 2 pkt 2 lit. b Ustawy Prawo o Szkolnictwie Wyższym i Nauce z dnia 20 lipca 2018 r. We wszystkich sześciu artykułach dr Guillem Ylla Bou jest pierwszym lub korespondującym autorem, a w jednym przypadku pełni obie te role jednocześnie. Łączny współczynnik oddziaływania (*impact factor*, 2022) sześciu prac, jak podano w autoreferacie i wykazie osiągnięć, wynosi 38,5, liczba punktów ministerialnych 660, a łączna liczba cytowań 58 (stan na kwiecień 2023). Z tego zdecydowana większość cytowań (41) przypada na pracę nr 1, opublikowaną w 2021 r. w *Communications Biology*, pozostałe prace są cytowane 1-8 razy. Zgodnie z informacją uzyskaną przez mnie na stronie *Web of Science* dnia 28 grudnia 2023 r., liczby cytowań dwóch prac są niższe niż podane przez habilitanta (26 zamiast 41 cytowań pracy nr 1; 7 zamiast 8 cytowań pracy nr 3), biorąc jednak pod uwagę lata publikacji (trzy prace z 2021 r. i po jednej z 2018, 2020 i 2023 r.) można przypuszczać, że dane te wzrosną z czasem.

Badania prowadzone przez dr. Guillema Ylla Bou, dotyczą molekularnych podstaw rozwoju i ewolucji owadów, najliczniejszej i najbardziej zróżnicowanej pod względem gatunków i form życia grupy zwierząt żyjących na ziemi. Szczególnie interesującym aspektem rozwoju owadów jest przeobrażenie, w skrajnych przypadkach objawiające się występowaniem skrajnie różnych morfologicznie postaci w poszczególnych stadiach rozwojowych. Powstanie tak różnych fenotypów z identycznego genotypu wymagają całkowitego przeprogramowania genomu w trakcie rozwoju osobniczego. Od czasu zsekwencjonowania w marcu 2000 r. genomu muszki owocowej, *Drosophila melanogaster*, modelu powszechnie wykorzystywanego w genetyce, poznano już ponad 700 genomów owadów. Mimo to wiele gatunków owadów do dziś pozostaje nieodkrytych lub nieopisanych, a zdecydowaną większość badań przeprowadzono na gatunkach holometabolicznych (z przeobrażeniem zupełnym) należących do 3 rzędów owadów (*Diptera*, *Lepidoptera* i *Hymenoptera*). Ich sztandarowym reprezentantem jest wspomniana wyżej *D. melanogaster*, należąca do rzędu muchówek (*Diptera*). Badania prowadzone z wiodącym udziałem habilitanta uzupełniają znacząco brak wiedzy w obszarach dotyczących genomiki i transkryptomiki owadów, w tym przede wszystkim owadów hemimetabolicznych, u których występuje przeobrażenie niepełne. Stadia młodzieńcze tych owadów przypominają morfologicznie stadia dorosłe, ale nie posiadają niektórych typowych dla nich cech, np. skrzydeł i struktur rozrodczych. Istotnym aspektem badań owadów hemimetabolicznych jest także fakt, że ich genomy, w przeciwieństwie do genomów większości owadów modelowych, takich jak muchy, pszczoły czy chrząszcze, ulegają metylacji. Analiza porównawcza genomów owadów może więc rzucić nowe światło na regulację ekspresji genów przez metylację jak i na ewolucję samej metylacji DNA.

Cykl publikacji wchodzących w skład osiągnięcia nie jest ułożony w porządku chronologicznym. Otwierają go dwie prace, którym przypisałabym największą wagę w całym cyklu.

Publikacja nr 1 pt. *Insights into the genomic evolution of insects from cricket genomes*, powstała w ramach stażu doktorskiego na *Harvard University* i opublikowana w czasopiśmie z grupy Nature, *Communications Biology*, w roku 2021. Dr Ylla jest pierwszym autorem publikacji i jednocześnie jednym z trzech jej autorów do korespondencji. Publikacja ta, będąca czwartą z kolei najlepiej cytowaną publikacją w całkowitym dorobku autora, przedstawia wyniki sekwencjonowania, składania *de novo* (asemblacji) i adnotacji genomu świerszcza polnego *Gryllus bimaculatus* żyjącego w regionie Morza Śródziemnego. O złożoności problemu, któremu stawili czoła autorzy, świadczy niebagatelna wielkość genomu świerszcza (1,66 Gb), równa połowie genomu człowieka i niemal 12-krotnie większa od genomu muszki owocowej. Z zadaniem poradzono sobie znakomicie, uzyskując bardzo dobre wyniki jakości genomu. Dodatkowo autorzy przeprowadzili adnotację genomu hawajskiego świerszcza *Laupala kohalensis*, którego sekwencja (podobnej wielkości, 1,60 Gb) została opublikowana wcześniej przez inną grupę badawczą. Porównanie genomów obu świerszczy, należących do owadów hemimetabolicznych, z genomami 14 innych owadów, pokazało, że genomy hemimetabolanów rozrosły się do obecnych rozmiarów na skutek aktywności transpozonów. W efekcie sekwencje powtórzone u obu świerszczy stanowią ponad 30% genomu. Różnią się jednak składem powtórzeń, co pozwala przypuszczać, że ich ewolucja przebiegała niezależnie u poszczególnych gatunków. Analiza lokalizacji wysp CpG w genomach hemimetabolanów wykazała ponadto silniejszą presję selekcyjną i większą zachowawczość metylowanych fragmentów genomów. Fragmenty te kodują białka uczestniczące w procesach kluczowych dla przetrwania komórki, takich jak replikacja DNA czy regulacja ekspresji genów, podczas gdy regiony metylowane rzadziej lub wcale, zawierają geny kodujące białka związane z metabolizmem. Z kolei obserwowana u świerszczy ekspansja genów z rodziny *pickpockets class V* sugeruje, że białka kodowane przez te geny mogły odegrać rolę w ewolucji zachowań godowych, w tym w rozwoju charakterystycznych dla świerszczy odgłosów ćwierkania. Jak podano w sekcji *Author contribution* opisanej wyżej **publikacji nr 1**, habilitant odpowiedzialny był za zaprojektowanie eksperymentów, wykonanie części z nich, analizę wyników i pisanie manuskryptu. W autoreferacie rola habilitanta jest opisana bardziej szczegółowo i uwzględnia dodatkowo wykonanie wszystkich ilustracji oraz opracowanie narzędzia użytego do adnotacji genomów. Nie mam wątpliwości, że wkład habilitanta w powstanie pracy był znaczący, a potwierdzają to również listy dwójki współautorów, wg których wkład dr Ylla był wiodący („*Dr. Ylla was a major contributor*”) i przekraczał 50%. Sama praca moim zdaniem wnosi bardzo wiele do stanu naszej wiedzy na temat budowy i ewolucji genomów owadów.

W **publikacji nr 2** opublikowanej w PNAS w 2023 r. (A. Fernandez-Nicolas, G. Machaj, A. Ventos-Alfonso, V. Pagone, T. Minemura, T. Ohde, T. Daimon, G. Ylla & X. Belles, *Reduction of embryonic E93 expression as a key factor for the evolution of insect metamorphosis*), zaprezentowana została nowa teoria pochodzenia metamorfozy holometabolicznej, w której istotną rolę odgrywa czynnik transkrypcyjny E93. Zgodnie z wcześniejszą wiedzą białko to warunkuje morfogenezę osobników dorosłych, więc jego ekspresja pojawia się późno w rozwoju osobniczym. W omawianej pracy przedstawiono wyniki szczegółowej analizy zmian ekspresji E93 w czasie u karaczana prusaka *Blattella germanica*. Gatunek ten należy do stosunkowo słabo poznanej grupy hemimetabolanów, podlegających przeobrażeniu niepełnemu. Najwyższy poziom ekspresji E93 zaobserwowano w pierwszych dwóch dniach rozwoju embrionalnego *B. germanica*, co wskazuje na matczyne pochodzenie transkryptu. Następnie wyciszono ekspresję tego genu w embrionach, co doprowadziło do znaczących zmian w transkryptomach embrionów i szeregu zaburzeń rozwojowych. Przeprowadzono również metaanalizę transkryptomów różnych gatunków owadów na różnych etapach rozwoju, korzystając z danych z sekwencjonowania RNA dostępnych w repozytoriach. Wyniki wykazały niezbicie, że późna ekspresja E93 jest cechą typową wyłącznie owadów holometabolicznych i neometabolicznych, stanowiących formę pośrednią między

holometabolicznymi i hemimetabolomicznymi. U tych ostatnich zaobserwowano dwa skoki ekspresji E93 – jeden we wczesnym rozwoju embrionalnym, a drugi bezpośrednio poprzedzający powstanie osobnika dorosłego. Z kolei u owadów ametabolicznych, które nie przechodzą metamorfozy, a ich osobniki młode różnią się od dorosłych jedynie rozmiarem, poziom ekspresji E93 jest wysoki we wczesnym rozwoju embrionalnym, a następnie spada i utrzymuje się na niskim poziomie lub nieznacznie rośnie podczas dalszych etapów życia osobnika. Zdaniem autorów pracy to właśnie utrata ekspresji E93 w zarodku, wywołująca istotne zmiany w globalnym profilu ekspresji genów, mogła zapewnić warunki sprzyjające wykształceniu się młodocianych form różniących się od tych dojrzałych. Uzyskane wyniki pokazują nieznaną wcześniej bliskie związki między embriogenezą a morfogenezą owadów i pozwalają wnioskować na temat ewolucji tych zwierząt. Są więc niezwykle ważnym odkryciem biologicznym. Zwięzły opis sekcji *Author contribution* informuje, że dr Guillem Ylla planował badania, wykonywał je i analizował dane. Zgadza się to z opisem zawartym w autoreferacie, w którym habilitant dodatkowo podaje, że pełnił funkcję mentora i przewodnika studentów i doktorantów zaangażowanych w projekt. Potwierdzają to też dwa podobnie brzmiące listy współautorów załączone w dokumentacji, wg których wkład dr Ylla był wiodący („*Dr. Ylla was a major contributor*”) i przekraczał 50%.

Publikacja nr 3 (Llonga N, Ylla G, Bau J, Belles X, Piulachs MD. *Diversity of piRNA expression patterns during the ontogeny of the German cockroach*, *J Exp Zool B Mol Dev Evol.* 2018), najwcześniejsza w całym cyklu, dotyczy globalnej analizy ekspresji piRNA w trakcie ontogenezy karaczana prusaka *Blattella germanica*. Przed ukazaniem się tej pracy wiedza na temat piRNA owadów była niewielka, ale podejrzewano, że ich główną rolą, podobnie jak u innych organizmów, jest ochrona genomu komórek płciowych poprzez wyciszenie transpozonów. Wybór *B. germanica* jako obiektu badań nie był przypadkowy – genom tego owada zawiera wyjątkowo dużą ilość elementów powtórzonych, które stanowią ponad 50% genomu. Systematyczne porównanie profilu piRNA w 11 stadiach rozwojowych owada potwierdziło dwojakie pochodzenie piRNA oraz wykazało znaczące różnice w poziomie ekspresji całych klastrów jak i poszczególnych piRNA powstających w trakcie dwóch ścieżek biogenezy na różnych etapach rozwoju. Uzyskane wyniki pozwoliły autorom wysnuć wniosek, że piRNA mogą pełnić u owadów dodatkowe funkcje, nie ograniczające się do kontroli aktywności transpozonów i wykraczające poza rozwój embrionalny. Udział habilitanta można ocenić jedynie na podstawie materiałów dołączonych do wniosku, ponieważ w samym artykule brak sekcji *Author contribution*. Wg deklaracji trójki współautorów wkład dr Guillem Ylla przekroczył 50%, sam artykuł powstał z jego inicjatywy i przy wsparciu studentów, którymi się opiekował. Praca ma wg danych na stronie wydawcy 7 cytowań (w autoreferacie podano 8) i najniższą punktację z cyklu (*impact factor* 2,37 i 70 punktów ministerialnych). W mojej opinii pozostawia pewien niedosyt, ponieważ ogranicza się do globalnej, porównawczej analizy liczbowej, nie odnosząc się w żaden sposób do konkretnych piRNA ani ich potencjalnych funkcji. Mam nadzieję, że temat ten będzie rozwinięty szerzej w trakcie realizacji przez habilitanta grantu Sonata o obiecującym tytule „*Functional roles of somatic piRNAs and their evolution*”.

Celem **publikacji nr 4** (Montañés JC, Rojano C, Ylla G, Piulachs MD, Maestro JL. *siRNA enrichment in Argonaute 2-depleted Blattella germanica*. *Biochim Biophys Acta Gene Regul Mech.* 2021) było zbadanie innego aspektu regulacji ekspresji genów u karaczana prusaka *Blattella germanica*, a mianowicie interferencji RNA (RNAi), ze szczególnym uwzględnieniem udziału w tym procesie białka Argonaute 2. Autorzy przeprowadzili dogłębne analizy profilu krótkich RNA o owadów, w tym także pod nieobecność nukleaz Argonaute 2 i Dicer 2. Odkryto m.in., że ekspresja obu genów zachodzi niezależnie od siebie. Brak Argonaute 2 nie przeszkadza w powstawaniu siRNA, nie powoduje też zakłóceń w rozwoju i reprodukcji owadów. Analiza wyników sekwencjonowania krótkich RNA wykazała również, że siRNA zgromadzone w komórkach nie pokrywają w sposób równomierny sekwencji dsRNA zastosowanych do ich wytworzenia. Odkryto także różnice między modelami selekcji nici wiodącej w duplesie dsRNA u *B. germanica* i *D. melanogaster*. Wyniki przedstawione w pracy nie tylko poszerzają ogólną wiedzę na temat

samego zjawiska RNAi, ale mogą być również wykorzystane do projektowania dsRNA zapewniających efektywniejsze wyciszenie docelowych transkryptów poprzez siRNA. Zgodnie z listami podpisanymi przez dwóje współautorów, wkład dr Guillem Ylla w powstanie pracy był wiodący i przekroczył 50%, obejmując konceptualizację, projektowanie i analizę danych, przygotowanie ilustracji i manuskryptu. W sekcji *authorship contribution* inicjałom GY towarzyszy zgodne z powyższym określenie „*Bioinformatic analysis design and performance. General conceptualization*”. Habilitant dodatkowo podkreślił w autoreferacie rolę opiekuna studenta wykonującego analizę danych.

Publikacja nr 5 (Tarikere S, Ylla G, Extavour CG. *Distinct gene expression dynamics in germ line and somatic tissue during ovariole morphogenesis in Drosophila melanogaster*. *G3 (Bethesda)*. 2022) to jedyna praca poświęcona organizmowi modelowemu, *Drosophila melanogaster*. Mimo, iż wiele już wiadomo na temat biologii muszki owocowej, autorzy postanowili lepiej poznać czynniki leżące u podstaw reprodukcji owadów. Obiektem badawczym stały się jajniki, a konkretnie znajdujące się w nich komórki germinalne i somatyczne, których transkryptomy zbadano w trzech punktach czasowych, na różnych etapach rozwoju jajników. Zebranie takiego zestawu tkankowo-specyficznych danych było już wartością samą w sobie. Jedną z ciekawszych obserwacji opisanych w pracy było to, że transkryptomy komórek somatycznych wykazują największe zmiany pod koniec morfogenezy jajnika, podczas gdy komórki rozrodcze we wczesnych stadiach tej morfogenezy. W komórkach somatycznych, szczególnie w zaawansowanych stadiach rozwoju jajników, zaobserwowano ponadto udział innych niż w komórkach germinalnych szlaków sygnałowych, w tym m.in. regulujących procesy proliferacji komórek. Uzyskane dane stanowią cenne źródło informacji na temat biologii rozwoju i reprodukcji owadów. Zgodnie z deklaracją autora korespondującego, wkład dr Guillem Ylla w powstanie pracy był wiodący i przekroczył 50%, obejmując większość zadań związanych z analizą danych, przygotowanie ilustracji i manuskryptu. Jest to zgodne z opisem sporządzonym przez habilitanta w autoreferacie. W samym artykule brak sekcji *Author contribution*.

Zamykająca cykl **publikacja nr 6** (Ylla G, Liu T, Conesa A. *MirCure: a tool for quality control, filter and curation of microRNAs of animals and plants*, *Bioinformatics* 2020), przedstawia narzędzie bioinformatyczne o nazwie **MirCure** powstałe w efekcie rocznego stażu w *Laboratory of Genomics of Gene Expression* na *University of Florida* w Gainesville, USA. Służy ono do weryfikacji potencjalnych miRNA identyfikowanych w wyniku wysokoprzepustowego sekwencjonowania krótkich RNA. Restrykcyjna kontrola jakości danych i odpowiednio dobrane parametry filtracji, uwzględniające charakterystyczne cechy biogenezy, ekspresji i zachowawczości mikroRNA, pozwalają na etapie analizy, w tym adnotacji do genomu, odsiać spory odsetek fałszywie pozytywnych rezultatów i zachować te, które z największym prawdopodobieństwem odpowiadają rzeczywistym miRNA. Nadmiar danych i obecność tzw. szumu (ang. *bias*) to jeden z najbardziej powszechnych problemów analiz omicznych. Jeszcze większe wyzwanie stanowi analiza transkryptomów tych organizmów, których genomy są nieznane lub poznane tylko fragmentarycznie. Dlatego niezwykle ważne jest opracowywanie narzędzi, które wspierają badaczy zajmujących się genomiką w procesie selekcji wyników istotnych z biologicznego punktu widzenia. Zaletą narzędzia MirCure jest to, że zostało zaprojektowane do weryfikacji zarówno zwierzęcych jak i roślinnych miRNA, a opracowano je w postaci ogólnodostępnych skryptów w środowisku github oraz R, z których licznie korzystają bioinformatycy. Z drugiej strony istnieje już sporo baz i narzędzi do analizy miRNA, co powoduje, że trudno jest odnieść sukces wprowadzając nowe. Trzeba też je sukcesywnie rozwijać i aktualizować. Przeglądając dostępne na temat MirCure materiały w Internecie odniosłam wrażenie, że stworzone oprogramowanie nie jest już wspierane przez twórców. Brakuje go na liście dostępnych pakietów Bioconductor (<https://www.bioconductor.org/>), ostatnich zmian na stronie github (<https://rdrr.io/github/ConesaLab/MirCure/>) dokonano w styczniu 2021, a Video Tutorial nie jest już dostępny. Opisująca MirCure praca nr 6 jest cytowana tylko 3 razy, we wszystkich przypadkach przez prace o charakterze przeglądowym. MirCure nie zostało więc zweryfikowane przez realnych

użytkowników ani nawet zastosowane przez samych twórców w ich późniejszych pracach, a biorąc pod uwagę brak wsparcia i dalszego rozwoju oprogramowania, nie spodziewam się, by nastąpiło to w przyszłości. Znaczenie pracy nr 6 ogranicza się więc do jej wysokiej wartości punktowej (*impact factor* 6,93; 200 punktów ministerialnych; druga pozycja na liście prac w cyklu pod względem punktacji). Niemniej jednak, w mojej opinii przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe byłoby równie wartościowe nawet gdyby cykl składał się wyłącznie z pięciu pierwszych prac. Zgodnie z deklaracją autora korespondującego wkład dr Ylla w powstanie publikacji nr 6 był wiodący („Dr. Ylla was a major contributor”), przekraczał 55% i obejmował koncepcję, zaprojektowanie i implementację narzędzia, opracowanie ilustracji i napisanie manuskryptu. Habilitant dodatkowo podkreślił w autoreferacie, że pełnił rolę mentora studenta, który dołączył do projektu celem przeprowadzenia testów porównawczych i walidacji narzędzia.

W autoreferacie habilitant napisał, że nadrzędnym celem jego badań jest zrozumienie ewolucji genowych sieci regulacyjnych, czyli odkrycie w jaki sposób genomy determinują fenotypy i jak sieci regulacyjne ewoluowały w czasie. Jest to zadanie ambitne i niełatwe. Prace wchodzące w skład osiągnięcia habilitacyjnego, opisane powyżej, nie dają pełni zrozumienia tych zjawisk, ale niewątpliwie stanowią istotne elementy na drodze ich poznania. Odpowiadają też celom szczegółowym, wśród których autor wymienił poznanie i wykorzystanie nowych genomów, określenie biogenezy i funkcji krótkich regulatorowych RNA, identyfikację mechanizmów ekspresji genów związanych z reprodukcją czy opracowanie narzędzi bioinformatycznych do analizy miRNA z gatunków niemodelowych.

PODSUMOWANIE

Mimo młodego wieku dr Guillem Ylla Bou posiada znaczący dorobek naukowy, w którym znajdują się zarówno prace będące wynikiem jego własnych badań jak i te zrealizowane w ramach międzynarodowej współpracy. Świadczy to niezbitnie o wysokim poziomie edukacji, solidnym warsztacie badawczym oraz otwartości na nową wiedzę i doświadczenia, co jest gwarantem ciągłego rozwoju badacza. W cyklu prac stanowiących podstawę do ubiegania się o nadanie mu stopnia doktora habilitowanego, dr Guillem Ylla wykazał, że potrafi umiejętnie wykorzystać nowoczesne technologie sekwencjonowania oraz zdobyte w dziedzinie bioinformatyki umiejętności nie tylko do analizy złożonych zestawów danych, ale przede wszystkim do rozwiązywania istotnych problemów biologicznych. Godne pochwały są jego szeroka wiedza, umiejętnie sformułowane problemy badawcze, dobór odpowiednich metod i modeli badawczych. Autoreferat napisany jest zwięźle, ale zrozumiale, zawiera najważniejsze aspekty prac wchodzących w skład cyklu i podkreśla powiązania pomiędzy nimi. Całość oceniam bardzo pozytywnie, a szczególnie wysoko publikacje nr 1 i 2, które znacząco poszerzyły naszą wiedzę w zakresie genomiki, rozwoju i ewolucji owadów. Nie mam najmniejszych wątpliwości, że **osiągnięcia naukowe habilitanta stanowią znaczący wkład w rozwój dyscypliny nauki biologiczne.**

Habilitant dowiódł też, że potrafi kierować zespołem, planować badania i zdobywać środki na ich realizację, co świadczy o jego dojrzałości i samodzielności. Choć nie jest to zadaniem recenzenta, wysoko oceniam również całkowity dorobek naukowy habilitanta, który mógłby być wzorem mobilności i aktywności badawczej dla wielu młodych adeptów nauki.

Podsumowując, z pełnym przekonaniem stwierdzam, że przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe dr Guillem Ylla Bou, stanowiące cykl powiązanych tematycznie sześciu publikacji naukowych, odpowiada wymogom określonym w art. 219 ust. 1 pkt 2. Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (z późniejszymi zmianami), stawianym osobom ubiegającym się o nadanie stopnia doktora habilitowanego. W związku z powyższym wnioskuję do Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne Uniwersytetu Jagiellońskiego o dopuszczenie dr Guillem Ylla Bou do dalszych etapów postępowania habilitacyjnego.