

Bydgoszcz, dnia 10.07.2023r.

**Ocena dorobku naukowego w postępowaniu  
w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych  
i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne dr n. med. Karolowi Serwinowi**

Recenzja opracowana na zlecenie Przewodniczącej Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Medyczne Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie dr hab. Edyty Paczkowskiej, na podstawie Uchwały nr 405/22/23 Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Medyczne Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie z dnia 20.06.2023 w sprawie powołania komisji habilitacyjnej w postępowaniu habilitacyjnym dr n.med. Karola Serwina.

Recenzja została przygotowana w oparciu o przesłaną dokumentację zawierającą:

1. Wniosek z dnia 10.03.2023 o przeprowadzenie postępowania w sprawie nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie1 nauki medyczne.
2. Dane wnioskodawcy.
3. Kopię dyplomu doktora nauk medycznych.
4. Autoreferat.
5. Wykaz osiągnięć naukowych.
6. Kopie publikacji stanowiących podstawę do ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego.
7. Oświadczenia współautorów publikacji.
8. Analizę bibliometryczną autoryzowaną przez Bibliotekę Główną Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie.

Zakres dokumentacji jest zgodny z obowiązującymi wymogami formalnymi określonymi w art.219 i 220 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz.U. z 2018r. poz. 1668 ze zm.).

## **Podstawowe dane biograficzne Kandydata**

Dr n. med. Karol Serwin jest absolwentem Uniwersytetu Jagiellońskiego. W 2010 roku ukończył studia magisterskie w dziedzinie biotechnologii na Wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii; tytuł rozprawy magisterskiej „Enzymatyczne odcinanie białek fuzyjnych za pomocą proteazy serynowej SplB”. W roku 2013 ukończył niestacjonarne studia podyplomowe „Menedżer Badań Naukowych i Prac Rozwojowych” realizowane w ramach projektu „Kompetencje dla współpracy nauki i biznesu. Menedżerskie studia podyplomowe dla sektora B+R”, w Wyższej Szkole Ekonomii i Innowacji w Lublinie.

W dniu 16.06.2015r na podstawie rozprawy doktorskiej „Wstępna identyfikacja czynnika chemokinetycznego występującego w płynach ustrojowych pacjentów z nowotworem gruczołu krokowego” uzyskał stopień doktora nauk medycznych nadany uchwałą Rady Wydziału Lekarskiego z Oddziałem Nauczania w Języku Angielskim, Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie.

W roku 2019 ukończył studia podyplomowe „Menedżer i audytor systemu zarządzania jakością”, na Zachodniopomorskim Uniwersytecie Technologicznym w Szczecinie.

Po ukończeniu studiów Kandydat rozpoczął pracę jako specjalista na stanowisku naukowo-technicznym w Katedrze i Zakładzie Fizjologii Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie, którą kontynuował do 30.06.2020 roku. W tym okresie brał udział w trzech projektach naukowo-badawczych, w dwóch jako pracownik naukowy:

- w okresie 01.02.2013 – 31.12.2015 w projekcie „Znaczenie Bioaktywnych lipidów w regulacji procesów mobilizacji i „homingu” komórek macierzystych” w ramach konkursu MAESTRO finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki (UMO 2011/02/A/NZ4/00035)
- w okresie 01.06.2015 – 31.12.2015 w projekcie „Innowacyjne metody wykorzystania komórek macierzystych w medycynie”, realizowanym w ramach Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka, współfinansowanym ze środków Unii Europejskiej (POIG.01.01.02-00-109/09)
- oraz w okresie 01.10.2018 – 30.09.2019 – jako Kierownik Projektu Miniatura-2 ”Podatność komórek dziaśła i więzadła ożębnowego na stymulację wybranymi cytokinami - poszukiwanie czynników wpływających na rozwój chorób przyzębia” finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki (2018/02/X/NZ3/00871)

Od 01.07.2020 jest zatrudniony w Klinice Chorób Zakaźnych, Tropikalnych i Nabytych Niedoborów Immunologicznych PUM w Szczecinie w projekcie Sonata-Bis-8 „Implementacja modeli molekularnych dla analiz sieci transmisji HIV i HCV do projektowania interwencji klinicznych”, realizowanym ze środków Narodowego Centrum Nauki (UMO-2018/30/E/NZ6/00696), do 31.10.2022 na stanowisku starszego specjalisty, od 01.11.2022 jako

asystent badawczy. W okresie 01.11.2020 – 30.04.2021 brał udział w projekcie „Ocena odpowiedzi humoralnej w populacji narażonej na kontakt z wirusem SARS-CoV-2: implikacje kliniczne, epidemiologiczne oraz organizacyjne w zakresie opieki zdrowotnej” finansowanym ze środków Agencji Badań Medycznych (2020/ABM/COVID19/0059).

### **Informacje o ocenianych osiągnięciach naukowych Kandydata**

Jako osiągnięcie naukowe stanowiące podstawę ubiegania się o nadanie stopnia doktora habilitowanego Kandydat wskazał cykl pięciu prac oryginalnych, zatytułowany: „**Wykorzystanie epidemiologii molekularnej do rekonstrukcji introdukcji, ewolucji i rozprzestrzeniania się nowych wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2**”.

W skład cyklu wchodzi pięć publikacji

1. **Serwin Karol**, Urbańska Anna, Scheibe Kaja, Witak-Jędra Magdalena, Jankowska Maria, Hlebowicz Maria, Bociąga-Jasik Monika, Kalinowska-Nowak Anna, Biała Martyna, Ciepłucha Hubert, Łojewski Władysław, Olczak Anita, Jabłonowska Elżbieta, Kowalczyk-Kot Aldona, Rozpłochowski Błażej, Witor Adam, Parczewski Miłosz. *Molecular epidemiology and HIV-1 variant evolution in Poland between 2015 and 2019*. **Scientific Reports**; 2021: vol. 11, nr 1, id. art. 16609, 17 s. il. tab. bibliogr. summ. p-ISSN: 2045-2322; DOI: 10.1038/s41598-021-96125-w
2. **Serwin Karol**, Scheibe Kaja, Horecki Marcin, Aksak-Wąs Bogusz, Bociąga-Jasik Monika, Parczewski Miłosz. *Detection of Polish cases of highly virulent subtype B of HIV-1 originating in the Netherlands*. **Journal of Medical Virology**; 2022: vol., nr, 7 s. il. tab. bibliogr. summ. p-ISSN: 0146-6615; e-ISSN: 1096-9071; DOI: 10.1002/jmv.28154
3. **Serwin K**, Chaillon A, Scheibe K, Urbańska A, Aksak-Wąs B, Ząbek P, Siwak E, Cielniak I, Jabłonowska E, Wójcik-Cichy K, Jakubowski P, Bociąga-Jasik M, Witor A, Szetela B, Parczewski M. Circulation of HIV-1 A6 variant in the East border of European Union - dynamics of the virus transmissions between Poland and Ukraine. **Clinical Infectious Diseases**. 2023 doi:10.1093/cid/ciad058
4. **Serwin Karol**, Ossowski Andrzej, Szargut Maria, Cytacka Sandra, Urbańska Anna, Majchrzak Adam, Niedźwiedz Anna, Czarska Ewa, Pawińska-Matecka Anna, Gołąb Joanna, Parczewski Miłosz. *Molecular evolution and epidemiological characteristics of SARS CoV-2 in (northwestern) Poland*. **Viruses**; 2021: vol. 13, nr 7, id. art. 1295, il. tab. bibliogr. summ. p-ISSN: 1999-4915; DOI: 10.3390/v13071295
5. **Serwin Karol**, Aksak-Wąs Bogusz, Parczewski Miłosz. *Phylogenetic dispersal of SARS-CoV-2 lineages circulating across Polish - German border provinces*. **Viruses**; 2022: vol. 14, nr 5, id. art. 884, 21 s. il. bibliogr. summ. p-ISSN: 1999-4915; DOI 10.3390/v14050884.

W prezentowanym cyklu Kandydat jest pierwszym autorem we wszystkich pracach, w czterech autorem/współautorem korespondencyjnym. Wkład Kandydata w wymienione prace, w tym wieloosrodkowe, obejmował opracowanie koncepcji prac, organizację prac zespołu, zebranie i bioinformatyczną obróbkę sekwencji wirusowych, opracowanie metodologii badań, przeprowadzenie analiz filogenetycznych, przeprowadzenie analizy statystycznej, opracowanie i częściową interpretację wyników, graficzne przedstawienie danych, zgromadzenie piśmiennictwa, przygotowanie manuskryptu, złożenie pracy do redakcji oraz odpowiedzi na recenzje.

Wszystkie prace wchodzące w skład osiągnięcia naukowego zostały opublikowane w recenzowanych czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym, znajdujących się w bazie Journal Citation Report (JCR). **Łączny współczynnik oddziaływania Impact Factor (IF) prac opublikowanych w cyklu wynosi 58,324; łączna liczba punktów Ministra Edukacji i Nauki (MEiN)/ Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego (MNiSW) 610 punktów.**

Celem przeprowadzonych badań była charakterystyka wariantów HIV-1 oraz SARS-CoV-2 krążących w Polsce oraz identyfikacja dużych klastrów wirusowych odpowiedzialnych za przestrzenne sieci transmisji tych wirusów.

Analizy dla wirusa HIV-1 przeprowadzono na kohorcie pacjentów Poradni Nabytych Niedoborów Immunologicznych w Szczecinie oraz pochodzących z 10 polskich Klinik/Oddziałów Chorób Zakaźnych. Uwzględniały one 4.937 fragmentów sekwencji genu pol HIV-1 oraz dane demograficzne, kliniczne i wirusologiczne pacjentów zdiagnozowanych od 1997 do 2021 roku. Sekwencje wirusowe pozyskane bezpośrednio od pacjentów uzupełniono o 28.608 fragmentów sekwencji zdeponowanych w ogólnodostępnej bazie danych HIV (LANL-HIV), wraz z danymi o miejscu i dacie pobrania.

Analizy dla wirusa SARS-CoV-2 przeprowadzono na materiale pozyskanym od pacjentów diagnozowanych w Klinice Chorób Zakaźnych, Tropikalnych i Nabytych Niedoborów Immunologicznych oraz Katedrze Medycyny Sądowej PUM w Szczecinie w latach 2020-2021. Dodatkowe 19.751 sekwencji dla wariantów SARS-CoV-2 uzyskano z ogólnodostępnej bazy danych GISAID.

Szczegółowe cele badania obejmowały:

1. Molekularną charakterystykę ewolucji wariantów HIV-1 w latach 2015-2019, z uwzględnieniem drogi transmisji, ze szczegółową analizą kliniczną kładów innych niż subtyp B.
2. Filogenetyczną analizę sekwencji HIV-1 w populacji Polskiej w kierunku identyfikacji szczepów o zwiększonej wirulencji.
3. Filogeograficzną rekonstrukcję transmisji wirusa HIV-1 pomiędzy regionami w Polsce i w Ukrainie.



4. Analizę ewolucyjną i epidemiologiczną wariantów SARS-CoV-2, umożliwiającą identyfikację miejsc pochodzenia i ocenę dynamiki epidemii podczas pierwszego roku występowania COVID-19 w Polsce.
5. Identyfikację sieci powiązań i rozprzestrzeniania się wariantów SARS-CoV-2 między Polską a Niemcami z wykorzystaniem wielkoskalowej epidemiologii molekularnej do informowania zdrowia publicznego o dynamice transmisji związanej z COVID-19.

W pierwszej pracy oceniającej 2.518 pacjentów zakażonych HIV-1 z 10 polskich ośrodków wykazano, że dominującym wariantem HIV-1 w Polsce pozostaje subtyp B. Sklasyfikowano także drugi najbardziej rozpowszechniony subtyp A jako wariant A6. Zauważono statystycznie istotny trend wzrostowy częstości występowania kładów innych niż B, głównie z powodu wzrostu liczby zakażeń HIV-1 podlinii A6. Udowodniono wysoką heterogeniczność HIV-1 poprzez identyfikację wysokiej rekombinacji między dwoma najbardziej rozpowszechnionymi podtypami HIV-1. Wykryto trzy oddzielne monofiletycznie klady dla sekwencji subtypów A i B, a też wykazano, że warianty inne niż B są częściej związane z transmisją poprzez kontakty heteroseksualne, wiekiem powyżej 30 lat w chwili rozpoznania i płcią żeńską.

Praca nr 2 stanowi retrospektywne badanie oceniające 3.616 pacjentów zakażonych HIV-1 z 10 polskich ośrodków. Wykazano w niej, że wysoce wirulentny wariant holenderski HIV-1 jest obecny poza zlokalizowanym klastrem niderlandzkim, a pacjenci zakażeni tym wariantem mogą być skutecznie leczeni.

W pracy nr 3 oceniano 1.185 sekwencji pochodzących od osób zakażonych subtypem A6 HIV-1 w Polsce i 653 sekwencje pobrane od pacjentów zakażonych w Ukrainie. Wykazano, że introdukcje wariantu A6 HIV-1 do Polski pochodzą najczęściej ze wschodnich obwodów Ukrainy. Zidentyfikowano główne regiony w Polsce, w których dochodziło do przenoszenia wariantu A6 z Ukrainy wykazując, że źródłem i/lub miejscem docelowym sieci transmisji tego wariantu są aglomeracje miejskie. Udowodniono, że geoprzestrzenne sieci transmisji wariantu A6 w Polsce są determinowane przez wewnątrz krajowe krążenie wirusów oraz migrację transgraniczną z Ukrainy. Wyniki tej pracy poszerzają wiedzę na temat epidemii podtypu A6 w Polsce i przedstawiają wzorce rozprzestrzeniania się wariantu A6 we wschodnim regionie Unii Europejskiej.

Praca nr 4 przedstawia analizę ewolucyjną i epidemiologiczną wariantów SARS-CoV-2, umożliwiającą identyfikację miejsc pochodzenia i ocenę dynamiki epidemii podczas pierwszego roku występowania COVID-19 w Polsce. Prezentowana analiza uwzględnia 159 sekwencji genomu SARS-CoV-2 od osób diagnozowanych w Klinice Chorób Zakaźnych, Tropikalnych i Nabytych Niedoborów Immunologicznych PUM oraz Katedrze Medycyny Sądowej PUM w Szczecinie. Wykazano, że podczas pierwszego roku epidemii COVID-19 w Polsce dominowały trzy klady wirusa

SARS-CoV-2. Potwierdzono, że od drugiej fali epidemii wzrastała zmienność molekularna wirusa, zarówno jako wzrost różnorodności szczepów, jak i liczby mutacji w białku S. Wykazano, że w genomie wirusa dochodziło do nagromadzenia mutacji dotyczących zoptymalizowanej transmisji i potencjalnie wyższej zjadliwości, co w efekcie mogło być związane ze wzrostem liczby zachorowań. Opublikowane rezultaty były pierwszymi na temat wariantów SARS-CoV-2 w populacji polskiej.

W pracy nr 5 analizowano 19.994 sekwencje pochodzące od osób zakażonych SARS-CoV-2 w siedmiu regionach przygranicznych Polski i Niemiec podczas pierwszych trzech fal epidemii COVID-19. Wykazano, że dla ponad połowy zidentyfikowanych introdukcji nie dochodziło do dalszych transmisji wirusa, a za krążenie wariantów odpowiedzialne były duże klady. Zaobserwowano zmniejszenie różnorodności genetycznej SARS-CoV-2 na badanym obszarze związane z zastąpieniem większości linii przez wariant B.1.1.7|Alfa na początku 2021 roku. Udowodniono, że wraz z dominacją tego wariantu nastąpił wzrost liczby transmisji dwunarodowych pomiędzy regionami przygranicznymi Polski i Niemiec. Zidentyfikowano Saksonię, Pomorze Zachodnie i Dolny Śląsk jako kluczowe węzły transmisji SARS-CoV-2 w regionie przygranicznym podczas pierwszych trzech fal epidemii COVID-19. Uzyskane wyniki podkreślają znaczenie nadzoru molekularnego obszarów przygranicznych.

Przedstawione aspekty epidemiologii molekularnej HIV-1 i SARS-CoV-2 w ramach prezentowanego jednolitego cyklu publikacyjnego stanowią istotny wkład w bieżącą wiedzę. Informacje o trendach, częstości występowania wariantów oraz identyfikacja nowych ognisk zakażeń są niezwykle ważne dla nadzoru molekularnego chorób zakaźnych. Nadzór ten może przyczynić się do wczesnego wykrywania ognisk i zwiększa szansę na szybkie przerwanie sieci zakażeń, równocześnie umożliwiając podjęcie wczesnego leczenia. Rozszerzenie programów nadzoru molekularnego może odzwierciedlić rozprzestrzenianie się wirusa HIV-1 w kraju przy jednoczesnym wykryciu zakażeń wariantami wirulentnymi. Sytuacja związana z migracją uchodźców z Ukrainy stwarza potrzeby diagnostyki i leczenia zakażenia HIV wśród przesiedleńców wojennych, w celu ograniczenia sieci transmisji. Badania filodynamiczne identyfikują zdarzenia introdukcji wirusa do danej populacji, jego późniejsze rozprzestrzenianie i ewolucję, w tym dywergencję na poszczególne klady. Należy kontynuować badania sekwencjonowania genomów SARS-CoV-2, celem monitorowania jego zmienności ewolucyjnej i ewentualnych zagrożeń.

W ocenie recenzenta cykl prac stanowiących osiągnięcie Kandydata:

1. Jest spójny logicznie a prace poszerzają wiedzę z zakresu epidemiologii molekularnej wirusów HIV-1 i SARS-CoV-2.

2. Opiera się na pracach wieloośrodkowych, obejmujących duże grupy pacjentów i wiele lat obserwacji, przez co charakteryzuje aktualną sytuację epidemiologiczną w Polsce.
3. Został opublikowany w recenzowanych czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym i wysokim wskaźniku IF.

## **Ocena dorobku naukowego Kandydata**

### **Dane naukometryczne**

Dorobek naukowy Kandydata zgodnie z analizą bibliometryczną przeprowadzoną przez Bibliotekę Główną PUM (załącznik nr. 7) obejmuje 53 publikacje, w tym:

- 22 prace oryginalne opublikowane w czasopismach międzynarodowych posiadających IF (w tym 21 po uzyskaniu stopnia naukowego doktora),
- jedną pracę pogładową opublikowaną w czasopiśmie międzynarodowym posiadającym IF,
- 3 artykuły opublikowane w czasopiśmie międzynarodowym nie posiadającym IF,
- 2 polskojęzyczne fragmenty/rozdziały książkowe,
- 25 streszczeń zjazdowych, w tym 8 zagranicznych

### **Sumarycznie wartość/liczba punktów:**

- **IF według listy JCR: 143,108; jako pierwszy autor: 58,324**
- **MEiN/MNiSW: 2246; jako pierwszy autor: 610**

### **Liczba cytowań według bazy:**

- **Web of Science Core Collection: 156; bez autocytowań: 148;**
- **Scopus: 169; bez autocytowań: 161**

### **Index Hirsha (h-index) według bazy:**

- **Web of Science: 7,**
- **Scopus: 7**

Kandydat jako autor lub współautor publikował prace w recenzowanych czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym o wartości IF: 2,662-20,999, między innymi w *Clinical Infectious Diseases*, *Journal of Medical Virology*, *Cells*, *Viruses*, *Scientific Reports*.

W trakcie prowadzonej działalności naukowej Kandydat brał czynny udział w konferencjach krajowych i zagranicznych wygłaszając wykłady oraz prezentując doniesienia zjazdowe i postery. W ramach współpracy międzyuczelnianej z instytucjami zagranicznymi Kandydat współpracował z naukowcami z Centrum Badań nad AIDS, Oddziału Chorób Zakaźnych, Uniwersytetu Kalifornijskiego w San Diego, USA; Zakładu Wirusologii, Centrum Medycznego Uniwersytetu

Erazma w Rotterdamie, Holandia; Instytutu Wirusologii, Szpitala Uniwersyteckiego, Uniwersytetu Heinricha Heinego w Düsseldorfie, Niemcy; Pracowni Wirusologii Ewolucyjnej i Komputerowej, Zakładu Mikrobiologii i Immunologii - Instytutu Badań Medycznych Rega; Katolickiego Uniwersytetu w Lowinium (Belgia); oraz Instytutu Komórek Macierzystych, Centrum Onkologii, Uniwersytetu w Louisville, USA.

W ramach współpracy krajowej Kandydat współpracował z 10 Klinikami/Oddziałami Chorób Zakaźnych: w Krakowie, Wrocławiu, Łodzi, Gdańsku, Białymstoku, Zielonej Górze, Bydgoszczy, Poznaniu, Chorzowie i Warszawie. Ponadto prowadził współpracę z Instytutem Hematologii i Transfuzjologii w Warszawie, Instytutem Biologii Uniwersytetu Szczecińskiego, Zakładem Immunologii Doświadczalnej Uniwersytetu Medycznego w Lublinie, Wydziałem Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Uniwersytetu Jagiellońskiego, Wydziałem Inżynierii Mechanicznej i Mechatroniki Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie oraz klinikami Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie.

Kandydat brał udział w pracach zespołów badawczych realizujących projekty finansowane w drodze konkursów krajowych lub zagranicznych:

- 1) Projekt Sonata-Bis-8 pt. „Implementacja modeli molekularnych dla analiz sieci transmisji HIV i HCV do projektowania interwencji klinicznych” realizowany ze środków NCN (UMO-2018/30/E/NZ6/00696) od 01.07.2020 do 01.11.2022 – jako starszy specjalista/asystent badawczy
- 2) Projekt pt. „Ocena odpowiedzi humoralnej w populacji narażonej na kontakt z wirusem SARS-CoV-2: implikacje kliniczne, epidemiologiczne oraz organizacyjne w zakresie opieki zdrowotnej” finansowany ze środków Agencji Badań Medycznych 2020/ABM /COVID19/0059; 01.11.2020 – 30.04.2021 – jako pracownik naukowy
- 3) Projekt Miniatura-2 pt. „Podatność komórek działała i więzadła ożębnowego na stymulację wybranymi cytokinami - poszukiwanie czynników wpływających na rozwój chorób przyzębia” finansowany ze środków NCN (2018/02/X/NZ3/00871) 01.10.2018 – 30.09.2019 – jako Kierownik Projektu
- 4) Projekt naukowo badawczy „Znaczenie bioaktywnych lipidów w regulacji procesów mobilizacji i „homingu” komórek macierzystych.” w ramach konkursu MAESTRO finansowany ze środków NCN (UMO 2011/02/A/NZ4/00035) 01.02.2013 – 31.12.2015 – jako pracownik naukowy
- 6) Projekt naukowo badawczy „Innowacyjne metody wykorzystania komórek macierzystych w medycynie” współfinansowany ze środków Unii Europejskiej umowa nr POIG.01.01.02-00-109/09 01.06.2015 – 31.12.2015 – jako pracownik naukowy



Kandydat odbył staże naukowe w Zakładzie Wirusologii, Centrum Medycznego Uniwersytetu Erazma w Rotterdamie (EMC), Holandia oraz w Instytucie Wirusologii, Szpitala Uniwersyteckiego, Uniwersytet Heinricha Heinego w Düsseldorfie (HHUD), Niemcy.

W ramach programu Erasmus+ odbył dwa staże pracownicze w Zakładzie Reumatologii Uniwersytetu w Greifswaldzie, Niemcy oraz w Zakładzie Neurobiologii, Fizjologii i Farmakologii, University College London (UCL), Wielka Brytania.

Recenzował 3 publikacje dla czasopisma HIV Medicine.

Od 2014 r. Kandydat jest członkiem Polskiego Towarzystwa Biochemicznego, od 2020 członkiem Polskiego Towarzystwa Naukowe AIDS.

### **Ocena osiągnięć dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę**

Kandydat w roku akademickim 2012/2013 prowadził zajęcia dydaktyczne dla studentów I i II roku kierunku lekarskiego z przedmiotu Fizjologia oraz w roku akademickim 2017/2018 dla słuchaczy studiów Zawodowego Kształcenia Podyplomowego w zakresie Analityki Medycznej z przedmiotu Fizjologia. Uczestniczył w realizacji prac magisterskich przez studentów w jednostkach naukowych PUM.

Kandydat obecnie jest zatrudniony na stanowisku asystenta badawczego. Jest promotorem pomocniczym w przewodzie doktorskim Marcina Horeckiego pt. „Opracowanie metod bioinformatycznych do rozpoznawania wariantów rekombinowanych SARS-CoV-2 w Polsce i Europie”.

Uczestniczył we współorganizowaniu międzynarodowej konferencji naukowej „Second Baltic Stem Cell Meeting” w 2013 roku. Brał udział w przygotowaniu i przeprowadzeniu Dni Otwartych Funduszy Europejskich z PUM.

Kandydat w 2022 roku otrzymał dwukrotnie I-nagrodę PTN AIDS dla zespołu autorów za najlepszą opublikowaną pracę naukową z dziedziny HIV lub AIDS. Otrzymał również Nagrody Rektora Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego – w 2021 roku za osiągnięcia naukowe, a w latach 2013, 2015 i 2017 nagrody dla pracowników niebędących nauczycielami akademickimi w latach.

### **Podsumowanie recenzji**

Po przeanalizowaniu dostarczonej dokumentacji dr n.med. Karola Serwina – Kandydata do nadania stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne stwierdzam, że dr n.med. Karol Serwin:

1. posiada stopień naukowy doktora nauk medycznych w zakresie biologii medycznej nadany uchwałą Rady Wydziału Lekarskiego z Oddziałem Nauczania w Języku Angielskim Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie z dnia 16.czerwca 2015r.

2. jest autorem cyklu powiązanych tematycznie artykułów naukowych „**Wykorzystanie epidemiologii molekularnej do rekonstrukcji introdukcji, ewolucji i rozprzestrzeniania się nowych wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2**” opublikowanych w czasopismach naukowych ujętych w wykazie sporządzonym zgodnie z przepisami wydanymi na podstawie art.267 ust.2 pkt2 lit.b
3. wykazał się istotną aktywnością naukową realizowaną w ramach więcej niż jednej uczelni lub instytucji naukowej.

W związku z powyższym stwierdzam, że dr n.med. Karol Serwin spełnia kryteria art. 219 ustawy Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce z dnia 20.07.2018 (Dz.U.2020. poz 85 z późniejszymi zmianami, Dz.U. 2023.0.742 t.j.), umożliwiające nadanie mu stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne.

Jako recenzent Komisji habilitacyjnej dr.n.med. Karola Serwina uważam, że jego dorobek naukowy jest imponujący, znacząco powiększony po uzyskaniu stopnia doktora nauk medycznych. Bardzo wysoko oceniam warsztat naukowy Kandydata oraz aktywność w organizowaniu krajowej współpracy wielośrodkowej, jak też współpracy z ośrodkami zagranicznymi. Sądzę, że dr Karol Serwin zdobył zasłużoną pozycję eksperta w dziedzinie epidemiologii molekularnej wirusów HIV-1 i SARS-CoV-2.

W związku z powyższym mam przyjemność wystąpić do Wysokiej Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Medyczne Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie z wnioskiem o kontynuowanie postępowania habilitacyjnego dr.n.med. Karola Serwina.

KIEROWNIK  
Katedry Chorób Zakaźnych i Hepatologii  
*Małgorzata Pawłowska*  
prof. dr hab. Małgorzata Pawłowska