



*Opinia w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego w  
dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne,  
wszczętym na wniosek z dnia 10 marca 2023*

***dra n. med. Karola Juliana Serwina***

Niniejszą opinię przygotowano w odpowiedzi na pismo z dnia 20 czerwca 2023 r. przesłane przez Przewodniczącą Rady Naukowej Dyscypliny Nauki Medyczne PUM, w związku z powołaniem na recenzenta na podstawie art. 221, ust. 5 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. *Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce* (Dz. U. z 2023 r. poz. 742), zwanej dalej ustawą, zgodnie z decyzją Rady Doskonałości Naukowej nr DRKN.Z3.400.64.2023 z dnia 29 maja 2023, w oparciu o otrzymaną dokumentację.

Oceny osiągnięć i dorobku naukowego Habilitanta dokonano na podstawie wymagań określonych w art. 219 ust. 1 ustawy, ze szczególnym uwzględnieniem pkt 2, stosownie do art. 221 ust. 8 ustawy. Przedstawiona dokumentacja odpowiada ustawowym wymogom formalnym w postępowaniu o nadanie stopnia doktora habilitowanego.

## **1. PRZEBIEG KARIERY ZAWODOWEJ**

Dr Karol Serwin jest absolwentem Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, gdzie w 2010 roku uzyskał stopień magistra biotechnologii, nadany uchwałą Rady Wydziału Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii tegoż uniwersytetu. Od początku swojej kariery naukowej, związany jest z Pomorskim Uniwersytetem Medycznym (PUM) w Szczecinie. W latach 2010-2020 był zatrudniony jako specjalista na stanowisku naukowo-technicznym w Katedrze i Zakładzie Fizjologii Wydziału Lekarskiego z Oddziałem Nauczania w Języku Angielskim PUM, gdzie 16 czerwca 2015 roku uzyskał dyplom doktora nauk medycznych w dyscyplinie biologia medyczna, na podstawie rozprawy doktorskiej pt.: „*Wstępna identyfikacja czynnika chemokinetycznego występującego w płynach ustrojowych pacjentów z nowotworem gruczołu krokowego*”, wykonanej pod opieką Prof. dr hab. Mariusza Ratajczaka. Od 2020 roku do chwili obecnej jest zatrudniony w Klinice Chorób Zakaźnych, Tropikalnych i Nabytych Niedoborów

Immunologicznych PUM, początkowo jako starszy-specjalista (Post-Doc), a od 2022 roku jako asystent badawczy, w Projekcie Sonata-Bis-8 (NCN; 2018/30/E/NZ6/00696). Ponadto, w latach 2013-2015 był zaangażowany w projekcie MAESTRO (NCN; 2011/02/A/NZ4/00035) oraz projekcie Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej (POIG.01.01.02-00-109/09).

Dr Karol Serwin ukończył również studia podyplomowe niestacjonarne w zakresie Menedżer Badań Naukowych i Prac Rozwojowych w Wyższej Szkole Ekonomii i Innowacji w Lublinie (10.04.2013) oraz Menedżer i Audytor Systemu Zarządzania Jakością w Zachodniopomorskim Uniwersytecie Technologicznym w Szczecinie (15.09.2019).

## 2. OCENA OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO

### *Wskaźniki bibliometryczne*

Osiągnięcie naukowe wskazane przez Dra Karola Serwina stanowi cykl pięciu tematycznie powiązanych publikacji oryginalnych (zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b ustawy), pod wspólnym tytułem: „Wykorzystanie epidemiologii molekularnej do rekonstrukcji introdukcji, ewolucji i rozprzestrzeniania się nowych wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2”. Są to prace wieloautorskie; we wszystkich Dr Serwin jest pierwszym autorem i w czterech autorem korespondencyjnym. Ich parametry bibliometryczne (na podstawie danych z bazy *Web of Science* z dnia 21.08.2023) przedstawiono w Tabeli poniżej.

Lp.	PUBLIKACJA	5-cio letni IF [MEiN]	POZYCJA W BAZIE JCR	KWARTYL	CYTOWANIA
H1	Serwin i in. 2021 <sup>a</sup> <i>Scientific Reports</i>	4,9 [140]	22/73 <sup>b</sup>	Q2	3
H2	Serwin i in. 2022 <sup>a</sup> <i>Journal of Medical Virology</i>	8,5 [70]	2/36 <sup>c</sup>	Q1	0
H3	Serwin i in. 2023 <sup>a</sup> <i>Clinical Infectious Diseases</i>	10,1 [200]	16/161 <sup>d</sup>	Q1	0
H4	Serwin i in. 2021 <i>Viruses</i>	4,8 [100]	15/36 <sup>c</sup>	Q2	9
H5	Serwin i in. 2022 <sup>a</sup> <i>Viruses</i>	4,8 [100]	15/36 <sup>c</sup>	Q2	1

<sup>a</sup> autor korespondencyjny

<sup>b</sup> miejsce na liście czasopism w kategorii *Multidisciplinary Sciences*

<sup>c</sup> miejsce na liście czasopism w kategorii *Virology*

<sup>d</sup> miejsce na liście czasopism w kategorii *Immunology*

Wszystkie prace wchodzące w skład osiągnięcia naukowego opublikowane są w czasopiśmie indeksowanych w bazie JCR (z *Impact Factor* - IF), zajmujących wysokie pozycje w odpowiednich kategoriach (dwie w Q1 i trzy w Q2). Łączna wartość współczynnika oddziaływań IF tych czasopism w chwili przygotowywania Autoreferatu wynosiła 58,324, a liczba punktów MEiN 610. Uwzględniając później udostępnione wartości IF dla roku, w którym ukazały się publikacje (z wyjątkiem H3 z 2023 roku – tu uwzględniono IF<sub>2022</sub>), łączna wartość IF wynosi 40,014. Trzeba podkreślić, że pomimo spadku wartości IF, średnia wartość IF przypadająca na publikację w cyklu jest nadal wysoka i wynosi ponad 8.

### ***Ocena merytoryczna***

Opis poszczególnych publikacji, wchodzących w skład cyklu prac wskazanego jako osiągnięcie naukowe, poprzedzono obszernym wstępem wprowadzającym w kontekst poruszanego tematu. Wszystkie prace powstały z użyciem najnowszych metod analizy sekwencji wirusowych, na przykładzie krążących wariantów wirusów HIV-1 i SARS-CoV-2.

Celem głównym cyklu prac była charakterystyka wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2 krążących w regionie Europy Centralnej, w szczególności w Polsce, oraz identyfikacja dużych klastrów wirusowych odpowiedzialnych za przestrzenne sieci transmisji wirusów. Cele szczegółowe poszczególnych badań obejmowały:

- H1. Molekularna charakterystyka ewolucji wariantów HIV-1 w latach 2015-2019, z uwzględnieniem drogi transmisji, ze szczegółową analizą kliniczną kładów innych niż podtyp B.
- H2. Filogenetyczna analiza sekwencji HIV-1 w populacji polskiej w kierunku identyfikacji szczepów o zwiększonej wirulencji.
- H3. Filogenetyczna rekonstrukcja transmisji wirusa HIV-1 pomiędzy regionami w Polsce i w Ukrainie.
- H4. Analiza ewolucyjna i epidemiologiczna wariantów SARS-CoV-2, umożliwiająca identyfikację miejsc pochodzenia i dynamikę epidemii podczas pierwszego roku występowania COVID-19 w Polsce.
- H5. Identyfikacja 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.

Przedstawione prace powstały dzięki szeroko zakrojonej współpracy, szczególnie w przypadku badań dotyczących HIV-1, dzięki czemu analizy objęły duże grupy pacjentów, umożliwiając

uzyskanie wiarygodnych i kompleksowych wyników. Oprócz pacjentów znajdujących pod opieką Poradni Nabytych Niedoborów Immunologicznych w Szczecinie, pozyskane dane pochodziły od osób zakażonych HIV-1 z 10 innych wiodących ośrodków krajowych (reprezentujących 10 z 16 województw). Analizy uwzględniły w sumie 4937 fragmentów sekwencji genu *pol* HIV-1 i, w wybranych przypadkach, sekwencji kodujących integrasę oraz dane demograficzne, kliniczne i wirusologiczne, pochodzące od pacjentów zdiagnozowanych w latach 1997-2021. Sekwencje wirusowe otrzymane bezpośrednio od pacjentów uzupełniono o 28608 fragmentów sekwencji i danych zdeponowanych w ogólnodostępnej bazie danych HIV (LANL-HIV).

W przypadku SARS-CoV-2, 238 próbek pochodziło od pacjentów zdiagnozowanych w Klinice Chorób Zakaźnych, Tropikalnych i Nabytych Niedoborów Immunologicznych oraz Katedrze Medycyny Sądowej PUM w latach 2020-2021. Dodatkowo, 19751 sekwencji wirusowych pochodziło z ogólnodostępnej bazy danych GISAID.

Kolejne publikacje w cyklu tworzą logiczną sekwencję poruszanych zagadnień:

- H1 – wielośrodkowa analiza rozpowszechnienia podtypów i form rekombinowanych HIV-1 w Polsce obejmująca 2518 pacjentów. Potwierdzono, że podtyp B jest dominującym wariantem HIV-1 w Polsce. Sklasyfikowano drugi najbardziej rozpowszechniony podtyp A jako wariant A6. Zidentyfikowano trzy oddzielne monofiletycznie klady dla sekwencji podtypów A i B. Udowodniono wysoką heterogenność HIV-1 w Polsce. Wykazano, że warianty inne niż B są częściej związane z transmisją heteroseksualną.
- H2 – wielośrodkowe badanie retrospektywne mające na celu identyfikację polskich szczepów HIV-1 o zwiększonej wirulencji. Analizowano sekwencje genu *pol* HIV-1 podtypu B pochodzące od 3616 osób zakażonych HIV-1 oraz 19337 sekwencje wirusowe dla pacjentów z Europy dostępne w bazie LANL-HIV. Wykazano, że wysoce wirulentny wariant holenderski HIV-1 typu B (VB) występuje poza zlokalizowanym klastrem niderlandzkim; opisano trzy przypadki w Polsce i jeden w Belgii. Potwierdzono, że od 2014 roku w Europie nie pojawiły się nowe przypadki takiego zakażenia.
- H3 – wielośrodkowa analiza dynamiki rozprzestrzeniania się wariantu HIV-1 typu A6 we wschodnim regionie Unii Europejskiej. Analizowano w sumie 9513 sekwencji genu

pol HIV-1 podtypu A6 pochodzących z 39 krajów, w większości z Europy Wschodniej, w tym 1185 sekwencji pochodzących bezpośrednio od pacjentów zdiagnozowanych w Polsce oraz 7675 sekwencji z bazy LANL-HIV. Wykazano, że introdukcja wariantu A6 do Polski pochodziła najczęściej z objętych działaniami wojennymi wschodnich obwodów Ukrainy. Udowodniono, że sieci transmisji A6 w Polsce są utrzymywane poprzez wewnątrz krajowe krążenie wirusów oraz migrację transgraniczną głównie z Ukrainy.

- H4 – badanie jednośrodkowe oceniające rozpowszechnianie wariantów SARS-CoV-2 w Polsce podczas pierwszego roku epidemii COVID-19. Analizowano 1106 sekwencji pełnych genomów SARS-CoV-2, w tym 122 od osób z regionu północno-zachodniej Polski (zdiagnozowanych w PUM) i 984 z bazy danych GISAD. Badano zmienność genetyczną białka wypustki (S, ang *Spike*) SARS-CoV-2 oraz częstość pojawiania się mutacji. Analiza filogenetyczna genomów wykazała, że podczas pierwszego roku epidemii w Polsce dominowały 3 klady wirusa. Wykazano, że od drugiej fali epidemii (wrzesień 2020) gwałtownie wzrastała zmienność molekularna wirusa, zarówno pod względem różnorodności szczepów, jak i liczby mutacji w białku S. Wykazano, że w genomie wirusa dochodzi do gromadzenia mutacji, w tym związanych z optymalizacją transmisji i potencjalnie wyższą zjadliwością.
- H5 – badanie jednośrodkowe oceniające rozpowszechnianie i introdukcję wariantów SARS-CoV-2 w polsko-niemieckim obszarze przygranicznym. Analizowano 19994 sekwencje genomu SARS-CoV-2 pochodzące od zarażonych osób w siedmiu regionach przygranicznych Polski i Niemiec, podczas trwania pierwszych trzech fal epidemii COVID-19. W tym, 243 sekwencje pozyskane w PUM oraz 1977 sekwencji z zachodnich województw Polski i 19751 sekwencji z wschodnich landów Niemiec z bazy GISAD. Wykazano, że ponad połowa zidentyfikowanych introdukcji nie prowadziła do dalszych transmisji wirusa, a krążenie wariantów w tym obszarze determinowały duże klady (po co najmniej 50 sekwencji). Wraz z dominacją wariantu B.1.1.7/Alfa doszło do spadku różnorodności genetycznej SARS-CoV-2 oraz do wzrostu liczby transmisji dwunarodowych pomiędzy przygranicznymi regionami. Jako kluczowe węzły transmisji wirusa określono Saksonię, Pomorze Zachodnie i Dolny Śląsk.

Zagadnienia dotyczące epidemiologii molekularnej wirusów, w tym HIV-1 i SARS-CoV-2, takie jak częstość występowania zakażeń, charakterystyka wirusa w poszczególnych krajach, drogi introdukcji i transmisji wirusa, nowe ogniska zakażeń, zmienność genetyczna i pojawianie się wariantów o większej zjadliwości bądź oporności, stanowią niezwykle istotny element nadzoru molekularnego nad chorobami zakaźnymi oraz podstawę dla wprowadzania wytycznych w postępowaniu z zakażonymi osobami. Nadzór molekularny umożliwia również przewidywanie ewentualnych niepowodzeń we wdrażaniu nowych środków terapeutycznych. Badania prowadzone w ramach przedstawionego cyklu prac są pionierskie w skali Polski i Europy Centralnej i istotnie poszerzają wiedzę na temat epidemii krążących wirusów. Szczególnie należy podkreślić sukces w nawiązaniu współpracy i zaangażowaniu w badania tak wielu ośrodków medycznych w Polsce i związaną z tym skalę przeprowadzonych analiz.

We wszystkich pracach przedstawionych jako osiągnięcie naukowe, Dr Serwin jest pierwszym autorem i ponadto w czterech autorem korespondencyjnym, co jednoznacznie wskazuje na jego wiodącą rolę w ich powstaniu. Na podstawie oświadczeń złożonych przez Habilitanta i współautorów poszczególnych publikacji można stwierdzić, że Dr Serwin zaangażowany był, zarówno w część koncepcyjną pracy, dotyczącą tworzenia hipotezy badawczej i planu badań, jak i w opracowanie i interpretację wyników oraz przygotowanie i redagowanie manuskryptu publikacji. Co jednak w mojej opinii najważniejsze, Dr Serwin był pomysłodawcą i wykonawcą wszystkich przeprowadzonych analiz bioinformatycznych, filogenetycznych i statystycznych. W zdobywaniu doświadczenia na tym polu wykorzystał m.in. warsztaty bioinformatyczne dotyczące ewolucji wirusów i epidemiologii molekularnej (coVEME), nawiązane tam kontakty zagraniczne, w tym z Prof. Antoine Chaillon z Centrum Badań nad AIDS Uniwersytetu Kalifornijskiego, oraz krótkie staże w ośrodkach uniwersyteckich w Holandii i Niemczech.

**Podsumowując uważam, że przedstawione mi do oceny osiągnięcie naukowe stanowi znaczący wkład w rozwój wirusologii, a w szczególności poszerza wiedzę w zakresie ewolucji i transmisji wirusów HIV-1 i SARS-CoV-2. Spełnia zatem wymagania określone w art. 219 ust. 1 pkt 2 ustawy oraz pozwala ocenić Dra Karola Serwina jako wartościowego i samodzielnego badacza naukowego.**

### **3. OCENA AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ**

Na podstawie otrzymanego wykazu i analizy bibliometrycznej wykonanej przez Bibliotekę Główną PUM można stwierdzić, że na całkowity dorobek naukowy Dra Karola Serwina składa

się 26 publikacji (23 w czasopiśmie indeksowanych w bazie JCR), w tym jedna pogładowa, oraz dwa rozdziały w monografiach krajowych. Z powyższego dorobku, 22 prace ukazały się po uzyskaniu stopnia doktora; 5 z nich weszło w skład przedstawionego osiągnięcia naukowego. Dorobek uzupełnia 25 doniesień zjazdowych, w tym 8 zagranicznych.

Na dzień wykonania analizy bibliometrycznej (1.03.2023), sumaryczny IF dorobku naukowego Dra Serwina wynosił 143,108 (z tego 131,29 po doktoracie), a sumaryczna punktacja MEiN wynosiła 2246 (2111 po doktoracie). Liczba cytowań, w zależności od bazy, 156 (*Web of Science*) lub 169 (*Scopus*). Wartość indeksu Hirscha dla całego dorobku, według obu baz wynosiła 7. Należy zauważyć, że blisko 74% publikacji z przypisanym IF (17 z 23) ukazało się w latach 2021-2023, w tym 12 w 2022 roku, co z jednej strony może istotnie wpłynąć na ostateczną wartość sumarycznego IF dorobku Dra Serwina, ale jednocześnie wskazuje na wręcz skokowy wzrost aktywności naukowej Habilitanta po uzyskaniu stopnia doktora, a szczególnie od 2021 roku. Na ten okres przypada też powstanie prac wchodzących w skład przedstawionego osiągnięcia naukowego.

Zainteresowania badawcze Dra Serwina w sposób dominujący skupiają się wokół ewolucji molekularnej i dynamiki rozprzestrzeniania się różnych wariantów wirusów HIV-1 i SARS-CoV-2 oraz szeregiem zagadnień związanych z zakażeniem tymi wirusami. Świadczy o tym również fakt, że tylko w pięciu publikacjach swojego dorobku Dr Serwin jest pierwszym autorem; wszystkie one wchodziły w skład przedstawionego osiągnięcia naukowego. Tematy pozostałych prac dotyczą często odległych, niepowiązanych ze sobą zagadnień, jak np. zasiedlanie i mobilizacja komórek macierzystych, czynniki enzymatyczne i hormonalne w tkance tłuszczowej, parametry kliniczne i biochemiczne w marskości wątroby, specyficzność substratowa proteazy *SplE Staphylococcus aureus*, rak żołądka, przerzutowanie komórek nowotworowych, polimorfizmy związane z zapaleniem osłoneczki czy adiponektyna jako marker funkcji i uszkodzenia nerki. Sam Habilitant nie wspomina o ewentualnych innych osiągnięciach naukowych poza przedstawionym cyklem prac. Można więc stwierdzić, że poza wskazanym osiągnięciem, Dr Serwin nie ma w swym dorobku innych znaczących osiągnięć naukowych.

W swej działalności naukowej, Dr Serwin współpracuje z licznymi krajowymi ośrodkami naukowymi, jak również zagranicznymi (np. Centrum Badań nad AIDS Uniwersytetu Kalifornijskiego w San Diego, Centrum Medyczne Uniwersytetu Erazma w Rotterdamie, Instytut Wirusologii Uniwersytetu Heinricha Heinego w Düsseldorfie czy Instytut Badań Medycznych Rega Katolickiego Uniwersytetu w Lowanium). Ponadto uczestniczył w różnych,

interdyscyplinarnych projektach realizowanych przez pracowników kilkunastu jednostek naukowych w macierzystej uczelni, co przyniosło 11 publikacji z listy JCR.

W ramach realizacji projektu *Implementacja modeli molekularnych dla analiz sieci transmisji HIV i HCV do projektowania interwencji klinicznych* (NCN, 2018/30/E/NZ6/00696), Dr Serwin odbył dwa 5-cio dniowe staże naukowe:

1. 15-19.11.2021 - Centrum Medyczne Uniwersytetu Erazma w Rotterdamie, Holandia, gdzie pracował nad wdrożeniem matematycznego modelu przenoszenia wirusa HIV-1 wśród kluczowych grup ludności w celu oszacowania opłacalności i kosztów wprowadzenia preekspozycyjnej profilaktyki zakażeń HIV w Polsce.
2. 6-10.12.2021 - Instytut Wirusologii Uniwersytetu Heinricha Heinego w Düsseldorfie, Niemcy – nauka protokołów badawczych i wdrożenia najnowszych technik związanych z sekwencjonowaniem nowej generacji (NGS) genomów SARS-CoV-2 i HIV-1.

Chociaż oba powyższe pobyty przyniosły wymierne korzyści dla realizacji projektu i rozwoju naukowego samego Habilitanta, w mojej opinii nie można ich ocenić jako „istotną aktywność naukową prowadzoną w więcej niż jednej instytucji naukowej” (zgodnie z art. 219 ust. 1 pkt 3 ustawy). Nie są one również poparte żadną wspólną publikacją, powstałą w konsekwencji odbytego stażu.

Jak dotąd, Dr Karol Serwin był kierownikiem jedynie projektu grantowego NCN Miniatura-2 w latach 2018-2019. Ponadto uczestniczył w projekcie Programu Operacyjnego Innowacyjna Gospodarka (2015 rok), w projekcie NCN MAESTRO (2013-2015), projekcie ABM (2020-2021), projekcie NCN Sonata-Bis-8 (2020-do chwili obecnej) oraz w projekcie NCBiR wraz z innymi ośrodkami ze Szczecina i Lublina (2022).

Habilitant nie wygłosił dotąd wykładów na zaproszenie. Czynn timer uczestniczył jedynie w pięciu konferencjach naukowych; nie podano na ilu jako prelegent, poza informacją o prezentowaniu ustnym doniesienia na Konferencji CROI w Seattle USA w 2023 roku.

Dr Serwin wykonał 3 recenzje dla czasopisma HIV Medicine (IF 3.094). Jest członkiem dwóch polskich towarzystw. Za swoje osiągnięcia naukowe otrzymał: dwukrotnie I-wszą nagrodę (*Ex aequo*) od PTN AIDS za najlepszą publikację z dziedziny HIV i AIDS (2022), nagrodę Rektora PUM za osiągnięcia naukowe (2021), nagrody Rektora PUM dla pracowników niebędących nauczycielami akademickimi (2013, 2015 i 2017) oraz Stypendium Nowego Badacza na udział



w Konferencji CROI, USA, przyznane przez Międzynarodowe Towarzystwo Antywirusowe – USA (2023).

**W podsumowaniu uważam, że aktywność i dorobek naukowy Dra Karola Serwina nie spełniają wymagań określonych w art. 219 ust. 1 pkt 3 ustawy, o istotnej aktywności naukowej prowadzonej w więcej niż jednej instytucji naukowej. Ponadto Dr Serwin nie posiada w swym dotychczasowym dorobku naukowym znaczącego dzieła naukowego innego niż przedstawione jako cykl publikacji.**

#### **4. OCENA DZIAŁALNOŚCI DYDAKTYCZNEJ I ORGANIZACYJNEJ**

Działalność dydaktyczna nie znajdowała się w zakresie obowiązków Dra Karola Serwina. Niemniej podejmował się on zadań związanych z prowadzeniem zajęć i nauczaniem studentów Fizjologii: w roku akademickim 2012/2013 studentów I i II roku na kierunku lekarskim oraz w roku akademickim 2017/2018 słuchaczy Zawodowego Kształcenia Podyplomowego w Zakresie Analityki Medycznej. Jest także opiekunem pomocniczym pracy doktorskiej nt.: „Opracowanie metod bioinformatycznych do rozpoznawania wariantów rekombinowanych SARS-CoV-2 w Polsce i Europie”; w trakcie realizacji.

Z wymiernych działań w zakresie popularyzacji nauki, można wskazać jedynie przygotowanie prezentacji popularno-naukowej i udział w jej rozpowszechnianiu wśród mediów podczas konferencji prasowej, po zakończeniu projektu NCBI R pt.: Wsparcie szpitali jednoimiennych w walce z rozprzestrzenianiem się zakażenia wirusem SARS-CoV-2 oraz w leczeniu COVID-19”. Natomiast osiągnięciem organizacyjnym był udział w organizowaniu międzynarodowej konferencji naukowej *Second Baltic Stem Cell Meeting* w 2013 roku w Szczecinie. Habilitant brał też udział w organizowaniu ćwiczeń praktycznych z Fizjologii dla studentów PUM. Jak dotąd Dr Serwin nie angażował się we współpracę z przemysłem.

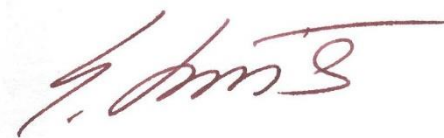
**Podsumowując można stwierdzić, że dorobek Dra Karola Serwina w zakresie działalności dydaktycznej, popularyzacji nauki oraz działalności organizacyjnej jest bardzo skromny. Uważam, że aktywność Habilitanta na tym polu jeszcze nie spełnia oczekiwań w stosunku do kandydatów do stopnia doktora habilitowanego.**

## 6. WNIOSEK KOŃCOWY

Na podstawie pełnej oceny całkowitego dorobku naukowego oraz działalności naukowej, dydaktycznej, organizacyjnej i popularyzatorskiej Dra Karola Serwina uważam, że **nie spełnione są jeszcze wszystkie wymogi stawiane pracownikom naukowym** ubiegającym się o stopień doktora habilitowanego i na tym etapie Kandydat nie powinien otrzymać takiego stopnia. Przede wszystkim, nie spełniony jest wymóg stawiany w art. 219 ust. 1 pkt 3.

Jednakże, stosownie do art. 221 ust. 8 ustawy, zobligowana jestem jedynie do oceny „czy osiągnięcia naukowe osoby ubiegającej się o stopień doktora habilitowanego odpowiadają wymaganiom określonym w art. 219 ust. 1 pkt 2”. Zgodnie ze stanowiskiem RDN (Poradnik: *Recenzje w Postępowaniach o Awans Naukowy*, str. 12), **jedynie ten aspekt powinien być brany pod uwagę przy formułowaniu ostatecznej konkluzji opinii recenzenta**. Zważywszy na, w mojej opinii znaczący wpływ przedstawionego osiągnięcia naukowego Dra Karola Serwina na rozwój dyscypliny naukowej mogę jednoznacznie stwierdzić, że ten wymóg stawiany kandydatom do stopnia doktora habilitowanego został spełniony.

Biorąc pod uwagę powyższe stanowisko RDN i moją ocenę jedynie przedstawionego osiągnięcia naukowego, popieram wniosek o nadanie stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne, Panu dr Karolowi Julianowi Serwinowi.



Warszawa, dnia 25.08.2023

Prof. dr hab. n. med. Ewa Hennig