

OCENA OSIĄGNIĘCIA NAUKOWEGO I ISTOTNEJ AKTYWNOŚCI NAUKOWEJ W POSTĘPOWANIU
HABILITACYJNYM DR N.MED. KAROLA JULIANA SERWINA

Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe: „**Wykorzystanie epidemiologii molekularnej do rekonstrukcji introdukcji, ewolucji i rozprzestrzeniania się nowych wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2**” stanowiące cykl pięciu tematycznie powiązanych publikacji.

I. Sylwetka zawodowa osoby ubiegającej się o nadanie stopnia naukowego doktora habilitowanego

Doktor nauk medycznych Karol Julian Serwin ukończył jednolite studia magisterskie na Uniwersytecie Jagiellońskim, gdzie w dniu 26.10.2010 r. uzyskał **tytuł naukowy magistra w dziedzinie biotechnologii** za przygotowanie i obronę rozprawy pt. „*Enzymatyczne odcinanie białek fuzyjnych za pomocą proteazy serynowej Sp1B*” nadany uchwałą Rady Wydziału Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie. Stopień **doktora nauk medycznych w dziedzinie biologii medycznej** uzyskał w dniu 16.06.2015 r. po obronie rozprawy doktorskiej pt. „*Wstępna identyfikacja czynnika chemokinetycznego występującego w płynach ustrojowych pacjentów z nowotworem gruczołu krokowego*” przed Radą Wydziału Lekarskiego z Oddziałem Nauczania w języku Angielskim, Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie.

Jednocześnie Dr Serwin poszerzał swoje wykształcenie w ramach studiów podyplomowych. W 2013 r. ukończył niestacjonarne studia podyplomowe „Menedżer Badań Naukowych i Prac Rozwojowych” w Wyższej Szkole Ekonomii i Innowacji w Lublinie – Polska Fundacja Ośrodków Wspomagania Rozwoju Gospodarczego. Ponadto w 2019 r. otrzymał dyplom ukończenia studiów podyplomowych „Menedżer i audytor systemu zarządzania jakością” przyznany przez Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie.

W trakcie kariery badawczej i naukowej Dr Serwin uczestniczył w realizacji projektów badawczych finansowanych przez Narodowe Centrum Nauki (Sonata Bis-8; Miniatura-2; Maestro), Agencję Badań Medycznych (2020/ABM/COVID19/0059) i współfinansowanego przez UE programu POIG (POIG.01.01.02-00-109/09). Współpracował i odbywał wizyty stażowe w krajowych i zagranicznych ośrodkach naukowo-badawczych, w tym w amerykańskich i europejskich ośrodkach specjalizujących się w badaniach wirusologicznych, HIV i AIDS (Uniwersytet Kalifornijski w San Diego, USA; Uniwersytet Louisville, Oklahoma, USA; Uniwersytet Erazma w Rotterdamie, Niderlandy; Uniwersytet Heinricha Heinego, Dusseldorf, Niemcy; Katolicki Uniwersytet, Leuven, Belgia). W ramach prac badawczych nad przygotowaniem ocenianego osiągnięcia naukowego nawiązał współpracę z 10 krajowymi ośrodkami zajmującymi się problematyką leczenia zakażeń HIV i HCV. Działalność dydaktyczna Dr Serwina obejmowała prowadzenie zajęć dydaktycznych z przedmiotu fizjologia na kierunku lekarskim i w ramach kształcenia podyplomowego z zakresu analityki medycznej, jak również jedno promotorstwo pomocnicze – w toku. Publikacje i działalność naukowa dr Serwina była przedmiotem 2 nagród I stopnia przyznanych przez PTN AIDS, czterech nagród przyznanych przez Rektora PUM. Dr Serwin uzyskał też stypendium IAS-USA na udział w konferencji CROI w 2023 r.

Przedstawiony we wniosku o nadanie stopnia naukowego dr hab. dorobek publikacyjny Dr Serwina wynosi 2246 pkt. MEiN, zaś sumaryczna wartość współczynnika oddziaływania (Impact Factor) = 143,108. Dr Serwin jest autorem /współautorem/ 22 pełnotekstowych prac oryginalnych posiadających łączny IF= 135,281. Sumaryczna liczba cytowań prac Dr Serwina (bez autocytowań)

wyniosła na dzień 01.03.2023 r. 148 oraz 161 odpowiednio dla baz danych Web of Science i Scopus. Siedem publikacji dr Serwina było przynajmniej 7 razy cytowane w publikacjach innych autorów (Indeks H=7). Dr Serwin posiada w swoim dorobku 2 rozdziały w monografii naukowej.

Dorobek Dr Serwina przedstawiony we wniosku o nadanie stopnia naukowego dr hab. świadczy o jego istotnym naukowym rozwoju od uzyskania stopnia doktora, potwierdza podstawowe doświadczenie dydaktyczne oraz zaangażowanie wnioskodawcy nie tylko w oryginalne badania naukowe ale również w rozwój kadry naukowej, jako promotor pomocniczy doktoranta.

II. Ocena osiągnięcia naukowego

Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe: „**Wykorzystanie epidemiologii molekularnej do rekonstrukcji introdukcji, ewolucji i rozprzestrzeniania się nowych wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2**” jest cyklem pięciu tematycznie powiązanych publikacji, dotyczącym wykorzystania metod analizy sekwencji nukleotydowych genomu (lub jego fragmentów) wybranych RNA wirusów (HIV i SARS-CoV-2) do określenia podobieństwa genetycznego wirusów danego gatunku obecnych w próbkach pobranych od pacjentów w różnej lokalizacji geograficznej i czasie, celem wskazania ewentualnych powiązań pomiędzy poszczególnymi pacjentami oraz śledzenia zmian genetycznych w trakcie szerzenia się zakażeń, wykazania czasu trwania i właściwości biologicznych (klinicznych) poszczególnych linii genetycznych. Dr Serwin jest pierwszym autorem wszystkich 5 publikacji składających się na cykl prac zespołowych (wioloautorskich), który obejmuje następujące tytuły (H1-H5):

- (H1) *Molecular epidemiology and HIV-1 variant evolution in Poland between 2015 and 2019*. Sci.Rep.2021;
- (H2) *Detection of Polish cases of highly virulent subtype B of HIV-1 originating in the Netherlands*. J.Med.Vir. 2022;
- (H3) *Circulation of HIV-1 A6 variant in the East border of European Union – dynamics of the virus transmissions between Poland and Ukraine*. Clin. Infect. Dis. 2023;
- (H4) *Molecular evolution and epidemiological characteristics of SARS-CoV-2 in (northwestern) Poland*. Viruses 2021;
- (H5) *Phylogenetic dispersal of SARS-CoV-2 lineages circulating across Polish-German border provinces*. Viruses 2022.

Zgodnie z przedstawionymi we wniosku deklaracjami własnymi i współautorów, Dr Serwin we wszystkich publikacjach ww. cyklu odegrał wiodącą rolę w zakresie opracowania koncepcji badań, przeprowadzenia kluczowych analiz statystycznych (bioinformatycznych), wizualizacji i interpretacji wyników oraz zaproponowaniu wniosków.

Tworzące cykl tematyczny publikacje ukazały się w latach 2021-2023, w uznanych międzynarodowych, recenzowanych czasopismach naukowych. Ich łączny współczynnik oddziaływania (IF) osiągnął wartość 58,324 (610 pkt. MEiN). Trzy (H1-3) z 5 publikacji cyklu dotyczą problemu zakażeń HIV zaś dwie (H4-5) dotyczyły SARS-CoV-2. Ze względu na znaczne różnice w epidemiologii zakażeń tymi wirusami publikacje składowe cyklu tematycznego H1-3 i H4-5 zostały poddane odrębnej ocenie, mimo iż oba zagadnienia (HIV i SARS-CoV-2) łączy stosowanie tych samych narzędzi badawczych (metodologia analiz sekwencji nukleotydowych). Ze względu na fakt, iż publikacje składowe cyklu poddane zostały indywidualnej, fachowej recenzji na etapie prac redakcji czasopism naukowych oraz weryfikacji przez globalną społeczność naukową, szczegółowa metodologia przeprowadzonych analiz statystycznych (bioinformatycznych i filogenetycznych) nie była przedmiotem oceny w ramach niniejszej recenzji.

II.a Ocena osiągnięcia naukowego w zakresie epidemiologii i charakterystyki genetycznej HIV

Tematyka dotycząca wirusa HIV dominuje w ocenianym osiągnięciu naukowym. Została przedstawiona w publikacjach H1-3, w zakresie określonym w celach badań przedstawionych w autoreferacie tj.: (i) charakterystyka wariantów HIV-1 i określenie ich ewolucji w latach 2015-2019; (ii) identyfikacja szczepów HIV-1 o zwiększonej wirulencji; (iii) stworzenie modelu (filogeograficznego) transmisji HIV-1 pomiędzy pacjentami pochodzącymi z wybranych regionów Ukrainy i Polski. Publikacje te powstały z wykorzystaniem materiału badań (próbki zawierające wirusa HIV lub sekwencje nukleotydowe genomów lub fragmentów HIV) pochodzącego z wielu ośrodków w Polsce, co należy uznać za istotny atut ocenianego osiągnięcia naukowego nie tylko w zakresie organizacyjnym ale przede wszystkim w odniesieniu do koncepcji badań opisanych w publikacjach H1-3. Zebranie ww. danych o sekwencjach nukleotydowych HIV-1 od pacjentów zbadanych w wielu ośrodkach na terenie Polski zapewniło kluczową dla badań modelowych/bioinformatycznych reprezentatywność próby „krajowej” co ma istotne znaczenie w przypadku odnoszenia danych krajowych do danych zgromadzonych w międzynarodowych bazach sekwencji nukleotydowych. W badaniach podobieństwa sekwencji nukleotydowych zbiorów osobników wybranych organizmów (w tym wirusów), a następnie ekstrapolowania stwierdzonych różnic na relacje filogenetyczne, funkcjonalne (np. wirulencja) lub geograficzne (tzw. filogeograficzne), w wyniku których otrzymujemy matematyczny model relacji między poszczególnymi osobnikami, krytycznym parametrem jest odpowiednia dla postawionych tez badawczych reprezentatywność „próbek” w badanych zbiorach. W przedstawionym do oceny osiągnięciu naukowym Dr Serwin i współautorzy dołożyli starań aby ten kluczowy wymóg spełnić najlepiej jak to było możliwe dla każdej z publikacji H1-3.

Oceniane osiągnięcie naukowe w zakresie dotyczącym HIV-1 stanowiło:

- stworzenie swoistej „mapy molekularnej” rozkładu wariantów HIV-1 w Polsce powiązanej z kluczowymi parametrami klinicznymi (publikacja H1) co potwierdziło dominację subtypu B a jednocześnie dookreśliło udział subtypu A (A6) wykazując przewagę transmisji wariantów innych niż B w drodze kontaktów heteroseksualnych;
- wykazanie w badaniach retrospektywnych obecności w Polsce wysoce wirulentnych wariantów HIV-1 oraz potwierdzenie skutecznego leczenia pacjentów zakażonych tymi wariantami (publikacja H2);
- uszczegółowienie wiedzy na temat subtypu A6 HIV-1 w Polsce oraz wykazanie podobieństwa szczepów tego subtypu do szczepów A6 obecnych u osób zakażonych HIV na Ukrainie, w stopniu wskazującym na migrację transgraniczną i krążenie tego subtypu wewnątrz kraju, głównie wykrawanego w dużych aglomeracjach miejskich.

Powyższe wnioski z przeprowadzonych analiz genetycznych HIV-1 oraz obserwacji i danych kliniczno-epidemiologicznych składają się na oryginalne i nowatorskie osiągnięcie naukowe, które stanowić może cenne ukierunkowanie dla klasycznych naukowych badań epidemiologicznych oraz dla nadzoru epidemiologicznego nad HIV/AIDS w Polsce.

II.b Ocena osiągnięcia naukowego w zakresie epidemiologii i charakterystyki genetycznej SARS-CoV-2

W ocenianym osiągnięciu naukowym tematyka dotycząca wirusa SARS-CoV-2 została ujęta w publikacjach H4-5, które – co należy szczególnie podkreślić- powstały w latach 2021 (maj) – 2022 (marzec) pandemii COVID-19, to jest w okresie, w którym w USA, UK, UE i wielu innych krajach nastąpił niespotykany wcześniej w epidemiologii chorób zakaźnych wzrost liczby analiz pełnego genomu czynnika zakaźnego dla celów epidemiologicznego nadzoru genomowego. Zjawisko to było szczególnie

widoczne w Polsce, gdzie z początkiem 2021 roku, dzięki wsparciu ECDC, ABM i MZ w kraju powstała sieć nadzoru genomowego nad COVID-19 w ramach której wybrane w placówkach Państwowej Inspekcji Sanitarnej próbki od pacjentów zakażonych SARS-CoV-2 były przekazywane do analiz WGS, a po określeniu wariantu wirusa i submisji do bazy GISAID EpiCoV w powiązaniu z danymi epidemiologicznymi, zanonimizowane indywidualne przypadki zakażeń z Polski zgłaszane były do Europejskiego Systemu Nadzoru Epidemiologicznego (TESSy). Przywołanie ww. okoliczności jest istotne dla oceny znaczenia prac H4 i H5 dla krajowej społeczności naukowej zajmującej się tematyką SARS-CoV-2.

Dr Serwin i współautorzy publikacji H4 jako jedni z pierwszych w kraju dokonali szczegółowej analizy naukowej sekwencji SARS-CoV-2 ze zbiorów PUM i sekwencji zgłoszonych z Polski (także w ramach ww. krajowego nadzoru genomowego) do bazy GISAID EpiCoV do dnia 01.03.2021 r. Podkreślić należy że manuskrypt publikacji H4 został zgłoszony do redakcji już 19 maja 2021 r., co świadczy o efektywnym wykorzystaniu przez Dr Serwina doświadczenia w zakresie statystycznych analiz sekwencji nukleotydowych wirusa HIV-1, pokazując jednocześnie że „platforma analityczna” tzw. epidemiologii molekularnej jest narzędziem uniwersalnym niezależnie od rodzaju drobnoustroju, jeśli tylko dostępny jest reprezentatywny i licznie znaczący zbiór sekwencji nukleotydowych danego drobnoustroju. W tym aspekcie metodologicznym w pełni uzasadniony jest zaproponowany przez Dr Serwina tytuł osiągnięcia naukowego *„Wykorzystanie epidemiologii molekularnej do rekonstrukcji introdukcji, ewolucji i rozprzestrzeniania się nowych wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2”*. Jednocześnie publikacja H4 stanowi opis stanu zróżnicowania genetycznego SARS-CoV-2 w pierwszym roku pandemii COVID-19, pokazując dominację 3 kład wirusa i narastanie jego zróżnicowania wraz ze wzrostem liczby zakażeń oraz liczby dostępnych sekwencji nukleotydowych wirusa od pacjentów w Polsce. Z perspektywy czasu natomiast publikacja H4 i ostatni wniosek autoreferatu dotyczący tej publikacji (str. 26 wniosku) pokazuje, że proponowanie tez odnoszących się do wiązania wzrostu liczby mutacji w genomie nowo pojawiającego się wirusa chorobotwórczego ze wzrostem jego zjadliwości nie zawsze jest uzasadnione, czego przykładem jest wariant Omicron wirusa SARS-CoV-2. Wnioskowanie o powiązaniu zjadliwości patogenu i liczby zachorowań wyłącznie na podstawie analizy zmienności genetycznej (ewolucji) patogenu jest niewystarczające jeśli nie uwzględnia się zmian adaptacyjnych w populacji gospodarza takich jak narastanie odpowiedzi immunologicznej, zwłaszcza na poziomie populacyjnym. To zaś pokazuje, że platforma analityczna epidemiologii molekularnej jest narzędziem uniwersalnym, o tyle interpretacja wyników uzyskanych modeli matematycznych zawsze wymaga uwzględniania wiedzy o biologii i epidemiologii badanego drobnoustroju. Konkluzja ta nie umniejsza znaczenia publikacji H4, podkreśla jedynie potrzebę krytycznego podejścia do interpretacji wyników nowego, bardzo wydajnego i niewątpliwie stanowiącego przyszłość mikrobiologii medycznej i epidemiologii chorób zakaźnych narzędzia jakim jest pełnogenomowa analiza sekwencji nukleotydowych (WGS).

Publikacja H5 powstała w wyniku analizy bardzo obszernego zbioru danych (sekwencji) pozyskanych z bazy GISAID, obejmującego sekwencje SARS-CoV-2 z próbek pacjentów z zachodnich województw Polski i wschodnich landów Niemiec. Celem pracy było prześledzenie powiązań i transmisji SARS-CoV-2 między obywatelami Niemiec i Polski (transmisje dwunarodowe). W pierwszym etapie Dr Serwin ze współautorami dokonał odpowiedniego ważenia zbioru danych ze względu na udział dominującego wariantu Alfa i innych wariantów oraz reprezentatywność geograficzną, zapewniając metodologiczną i epidemiologiczną poprawność badanej próby, co było bardzo istotne ze względu na szczegółowości analiz i możliwość uzyskania zaburzonego obrazu sytuacji epidemicznej podczas interpretacji wyników. Właściwe analizy dotyczyły między innymi progresji wariantu Alfa, wypierania innych wariantów oraz identyfikacji kluczowych węzłów (regionów) przygranicznej transmisji SARS-CoV-2.

II.c. Podsumowanie znaczenia przedstawionego do oceny osiągnięcia naukowego w zakresie poznawczym i wdrożeniowym

Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe pt. „*Wykorzystanie epidemiologii molekularnej do rekonstrukcji introdukcji, ewolucji i rozprzestrzeniania się nowych wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2*” uznać należy za oryginalne i znaczące uzupełnienie stanu wiedzy w dziedzinie mikrobiologii wirusowych chorób zakaźnych (HIV/AIDS i COVID-19) jak również we wdrażaniu analiz genomowych oraz metod modelowania matematycznego na podstawie podobieństwa genetycznego jako skutecznego narzędzia w retrospektywnej epidemiologicznej analizie ognisk i klastrów zakażeń.

Publikacje wchodzące w skład cyklu tematycznego stanowiącego osiągnięcie naukowe łączy wspólny warsztat badawczy, który Dr. Serwin efektywnie dostosował do analizy dwóch istotnie różnych ze względu na drogi zakażenia i przebieg kliniczny problemów zdrowotnych. Co więcej, wyniki prac cyklu tematycznego wskazują również, że zastosowana metodologia i strategia analiz genomowych, może na podstawie „zapisu” genetycznego uzupełniać lub wykluczać hipotezy epidemiologiczne stawiane w badaniach transmisji zakażeń, gdy brakuje klasycznego powiązania epidemiologicznego. O ile ogólny charakter tego stwierdzenia nie stanowi nowości i znany jest od lat, o tyle w kontekście ocenianego osiągnięcia istotna jest skala i skuteczność zastosowanych rozwiązań w praktyce. Jednocześnie prace badawcze Dr Serwina wpisują się w dynamicznie rozwijający się trend (i pilną potrzebę) wykorzystania danych genomowych z sekwencjonowania WGS w praktyce epidemiologii chorób zakaźnych do śledzenia oraz przewidywania kierunków i skali transmisji zakażeń. To zaś wymaga „zrównoważenia” rozpowszechnionej w pandemii COVID-19 dostępności platform do wykonywania sekwencjonowania pełnego genomu i uzyskiwanych tą drogą obszernych zbiorów danych metodami analitycznymi pozwalającymi skutecznie, szybko i właściwie te dane interpretować. Przedstawione do oceny osiągnięcie naukowe stanowi praktyczny obraz możliwości działań w tym kierunku. W zakresie poznawczym, oceniane osiągnięcie naukowe w istotny sposób poszerzyło wiedzę o epidemiologii zakażeń HIV w Polsce oraz o genetycznym zróżnicowaniu krążących obecnie w kraju wariantów HIV-1 wraz z kierunkami transmisji subtypów, czego szczególny przykład stanowi subtyp A6. HIV/AIDS stanowi ze względu na przebieg zakażenia (często utajony przez wiele lat, gdy pacjent pozostaje w nieświadomości, a tym samym niemożliwe jest odtworzenie powiązania przypadków poprzez klasyczny wywiad epidemiologiczny) problem epidemiologiczny, w którym dane genomowe mogą w szczególny sposób przyczynić się do powiązania przypadków zakażeń z określonymi klastrami/regionami/ zachowaniami pacjenta, poprzez ukierunkowanie wywiadu epidemiologicznego lub powiązanie dostępnych danych i informacji epidemiologicznych.

Dane genomowe (subtyp/wariant genetyczny) mogą ukierunkowywać właściwe leczenie HIV lub pozwalać na przewidzenie możliwych obciążeń dla ochrony zdrowia w COVID-19. Introdukcja do Polski wariantów Alfa i Delta wymagała zabezpieczenia dodatkowych zasobów na tzw. oddziałach COVID-19. Natomiast introdukcja wariantu Omicron w początku 2022 r. mimo początkowych obaw (na podstawie doniesień medialnych w końcu 2021r.) po zebraniu rzetelnej wiedzy o przebiegu zakażeń z krajów, w których wariant ten rozprzestrzenił się wcześniej niż w Polsce i nie spowodował gwałtownego wzrostu hospitalizacji, pozwoliła prospektywnie dostosować system ochrony zdrowia do obciążenia pacjentami z COVID-19, zachowując jak najwięcej zasobów dla pacjentów z innymi problemami zdrowotnymi mimo, iż przewidywano znaczny wzrost zachorowań na COVID-19. Przyniesiony opis okoliczności towarzyszących reagowaniu systemu ochrony zdrowia na zmiany wariantu SARS-CoV-2 w Polsce, wykracza poza okres epidemii, który był przedmiotem analiz publikacji H4 i H5 ocenianego osiągnięcia naukowego jest konieczny dla zilustrowania wspomnianego przez Dr Serwina w autoreferacie i dyskusji prac H4-5 znaczenia danych genomowych (wariantów wirusa) dla podejmowania przez decydentów

realnych działań przygotowawczych w odpowiedzi na zmiany wariantu genetycznego i właściwości SARS-CoV-2 w pandemii COVID-19.

II.d. Uwagi edytorskie do autoreferatu

- 1) W opisie materiału badań publikacji H4 omyłkowo podano datę 01.03.2020 r. dla pozyskania 1005 rekordów sekwencji SARS-CoV-2 z bazy GISAID dla populacji polskiej. Zgodnie z opisem w publikacji H4 powinna być data 01.03.2021r.
- 2) Przytoczenie we wprowadzeniu w tematykę badawczą (str. 9) wyłącznie jednej (własnego autorstwa) pozycji piśmiennictwa (poz. 27) przy omawianiu oceny przebiegu fal pandemii COVID-19 w Polsce nie jest optymalne, zważywszy, że autoreferat powstał w 2023 r., kiedy dostępne były już publikacje z różnych ośrodków w kraju. Przytoczenie pozycji 27 można uznać za niewystarczające w kontekście oceny liczby zakażeń SARS-CoV-2 w Polsce, ich ciężkości oraz śmiertelności, gdyż zagadnienia te nie były bezpośrednim przedmiotem badań tej pracy, a jedynie zostały omówione we wstępie, jako ich tło epidemiologiczne. (Przykładowo: w 2022 r. dostępna była publikacja szczegółowo analizująca ww. zagadnienia epidemiologiczne w Polsce w 2020 r. (Orlewska K, Kozieł D, Klusek J, Orlewska E. Burden of COVID-19 Mortality and Morbidity in Poland in 2020. *Int J Environ Res Public Health*. 2022 Apr 29;19(9):5432. doi: 10.3390/ijerph19095432.).
- 3) We wprowadzeniu w tematykę badawczą (str. 9) przy opisie fal pandemii COVID-19 pojawia się zapis „...były powiązane z wysokimi wskaźnikami COVID-19/100 tys., znaczną...” który zapewne odnosi się do terminu epidemiologicznego jakim jest zapadalność, tu wyrażona w liczbie przypadków COVID-19 na 100 tys. osób w populacji. Cytowane sformułowanie zostało użyte w anglojęzycznej publikacji H4, jednak w autoreferacie napisanym w języku polskim przy omawianiu aspektu epidemiologicznego COVID-19 posłużenie się terminem zapadalność byłoby bardziej jednoznaczne dla odbiorcy krajowego.

III. Wnioski końcowe

Mając na uwadze przedstawiony do oceny cykl 5 publikacji składających się na osiągnięcie naukowe pt. „Wykorzystanie epidemiologii molekularnej do rekonstrukcji introdukcji, ewolucji i rozprzestrzeniania się nowych wariantów HIV-1 i SARS-CoV-2” stanowiące podstawę postępowania habilitacyjnego oraz przedstawioną dokumentację działalności w zakresie publikowania i popularyzacji wyników badań oraz aktywność dydaktyczną i inne działania na rzecz rozwoju środowiska naukowego wyrażam przekonanie, że doktor nauk medycznych Karol Julian Serwin wykazał doświadczenie i umiejętności uprawniające go do samodzielnego prowadzenia badań naukowych.

Stwierdzam, że dr n. med. Karol Julian Serwin spełnił wymagania stawiane kandydatom w postępowaniu o nadanie stopnia naukowego 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 2021 r. poz. 478 ze zm.)

W związku z powyższym, przedkładam Komisji habilitacyjnej wniosek o dopuszczenie dr n. med. Karola Juliana Serwina do dalszych etapów postępowania habilitacyjnego.

Dr hab. n. med. Rafał Gierczyński

Warszawa dnia 29.08.2023r.