

OCENA

osiągnięć naukowych dr nauk med. Marty Olszewskiej, w związku z postępowaniem o nadanie stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych i nauk o zdrowiu, w dyscyplinie nauki medyczne

Niniejsza ocena została wykonana w związku z decyzją Rady Doskonałości Naukowej nr DRKN.23.400.140.2023 i uchwałą Rady Naukowej Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu z dnia 28.11.2023 r. Podstawę oceny stanowił komplet dokumentów związanych z postępowaniem habilitacyjnym przesłany drogą pocztową w formie papierowej i elektronicznej:

- Wniosek dr nauk med. Marty Olszewskiej o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego
- Dane Wnioskodawcy (załącznik nr 1)
- Kopie dyplomów (załącznik nr 2)
- Autoreferat (załącznik nr 3)
- Wykaz i omówienie osiągnięć naukowych wraz z danymi naukometrycznymi (załącznik nr 4)
- Kopie 6 publikacji naukowych stanowiących osiągnięcie naukowe (załącznik nr 5)
- Oświadczenia habilitantki i współautorów (załącznik nr 6)
- Dane bibliometryczne (załącznik nr 7)
- Kopie dokumentów poświadczających dorobek naukowy (załącznik nr 8)

I. Informacje o kandydatce do stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych

Pani Marta Olszewska jest absolwentką Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. W 2006 r. otrzymała tytuł zawodowy magistra inżyniera biotechnologii. Stopień doktora nauk medycznych w dyscyplinie biologia medyczna uzyskała w Instytucie Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu w 2014 roku na podstawie rozprawy zatytułowanej *Analiza cytogenetyczna plemników i komórek gametogenicznych u nosicieli translokacji chromosomowych wzajemnych (TCW) z niepowodzeniami rozrodu*, której promotorem był prof. dr hab. Maciej Kurpisz. Rozprawa doktorska została wyróżniona przez Radę Naukową Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu. W 2018 r. na Uniwersytecie Medycznym w Poznaniu ukończyła podyplomowe studium przygotowania pedagogicznego w zakresie dydaktyki medycznej.

Od 2010 roku do chwili obecnej jest zatrudniona w Instytucie Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu, początkowo na stanowisku biologa, następnie, przez 7 lat na stanowisku adiunkta, a od 2021 r. jest kierownikiem Zespołu Badawczego Genetyki Plemnika w macierzystym instytucie. Od 2019 roku jest członkiem Rady Naukowej Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu.

W uznaniu osiągnięć naukowych dr Marta Olszewska była wielokrotnie wyróżniana nagrodami. Otrzymała Polską Nagrodę Inteligentnego Rozwoju w kategorii Naukowiec Przyszłości (2017) za realizację projektu SONATA z NCN, a za cykl publikacji (składowe **P1**, **P2** i **P4** dzieła

habilitacyjnego) nagrodę zespołową przyznaną przez Polskie Towarzystwo Genetyczne (2017). Uzyskała także Naukową Nagrodę Młodych im. Profesora Michała Bokińca za najlepszą pracę z andrologii opublikowaną w roku 2015, przyznaną przez Polskie Towarzystwo Andrologiczne (2016), a w 2017 publikacja **P4** cyklu została uznana za najlepszą w czasopiśmie *Asian Journal of Andrology*. Dr Olszewska była również wyróżniana nagrodami podczas światowych konferencji i/lub umożliwiający udział w zagranicznych konferencjach naukowych.

II. Ocena osiągnięcia naukowego

W skład osiągnięcia naukowego dr Marty Olszewskiej, wynikającego z art. 219 ust.1 pkt 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce, wchodzi cykl sześciu, powiązanych tematycznie publikacji, w tym pięć to oryginalne prace badawcze (**P1-P5**) i jeden artykuł poglądowy (**P6**), opublikowane w latach 2014-2023 (spis poniżej), które tworzą dzieło naukowe zatytułowane: *Cytogenetyczne i epigenetyczne aspekty męskiej niepłodności*.

1. **Olszewska M**, Huleyuk N, Fraczek M, Zastavna D, Wiland E, Kurpisz M. Sperm FISH and chromatin integrity in spermatozoa from a t(6;10;11) carrier. *Reproduction* 2014; 147: 659-670.
2. **Olszewska M**, Wanowska E, Kishore A, Huleyuk N, Georgiadis AP, Yatsenko AN, Mikula M, Zastavna D, Wiland E, Kurpisz M. Genetic dosage and position effect of small supernumerary marker chromosome (sSMC) in human sperm nuclei in infertile male patient. *Scientific Reports* 2015; 5: 17408.
3. **Olszewska M**, Stokowy T, Pollock N, Huleyuk N, Georgiadis A, Yatsenko S, Zastavna D, Yatsenko AN, Kurpisz M. Familial infertility (azoospermia and cryptozoospermia) in two brothers-carriers of t(1;7) complex chromosomal rearrangement (CCR): molecular cytogenetic analysis. *International Journal of Molecular Sciences* 2020, 26; 21: 4559.
4. **Olszewska M**, Barciszewska MZ, Fraczek M, Huleyuk N, Chernykh VB, Zastavna D, Barciszewski J, Kurpisz M. Global methylation status of sperm DNA in carriers of chromosome structural aberrations. *Asian Journal of Andrology* 2017; 19: 117-124.
5. **Olszewska M**, Kordyl O, Kamieniczna M, Fraczek M, Jędrzejczak P, Kurpisz M. Global 5mC and 5hmC DNA levels in human sperm subpopulations with differentially protaminated chromatin in normo- and oligoasthenozoospermic males. *International Journal of Molecular Sciences* 2022, 23; 4516.
6. Odronec A, **Olszewska M**, Kurpisz M. Epigenetic markers in the embryonal germ cell development and spermatogenesis. *Basic and Clinical Andrology* 2023; 33: 6.

W oryginalnych pracach doświadczalnych dr Olszewska jest pierwszym autorem i w jednej z nich, również autorem korespondencyjnym, a w artykule poglądowym, drugim autorem i zarazem korespondencyjnym. Stosowne oświadczenia Habilitantki i współautorów wskazują na Jej dominujący udział w opracowaniu koncepcji pracy i sekwencji badań, wykonaniu znaczącej części analiz i przygotowaniu manuskryptów. Wszystkie prace zostały opublikowane w specjalistycznych czasopismach o uznanej renomie światowej. Sumaryczny współczynnik wpływu (Impact Factor) czasopism jest wysoki i wynosi 26,678 (zgodnie z rokiem opublikowania prac). Prace były cytowane (bez autocytowań) łącznie 63 razy (wg WoS), 62 (wg Scopus). Suma punktów MNiSW/MEiN wg

punktacji obowiązującej w roku 2017 i 2021 wynosi 465. Wskaźniki te uważam za w pełni wyczerpujące wymagania stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego.

Celem naukowym powyższego cyklu prac było określenie czynników cytogenetycznych i epigenetycznych w etiopatogenezie niepłodności męskiej. W pracach doświadczalnych dr Olszewska prezentuje molekularną charakterystykę chromosomów i chromatyny plemnika u mężczyzn z niepowodzeniami rozrodu, będącymi jednocześnie nosicielami aberracji chromosomowych (**P1-P4**) lub mającymi prawidłowy kariotyp (**P5**). Wyniki badań wpływu kariotypu na przebieg spermatogenezy opisuje w czterech publikacjach cyklu (**P1-P4**), zmiany w wewnątrzjądrowej organizacji jądra komórkowego plemnika przedstawia w publikacji **P2**, zmiany w integralności chromatyny plemnikowej dokumentuje w publikacjach **P1, P2, P4** i **P5**, natomiast poziom globalnej metylacji i hydroksymetylacji DNA plemnikowego omawia w pracach **P4** i **P5**. Artykuł poglądowy stanowi kompendium wiedzy na temat roli znaczników epigenetycznych w rozwoju zarodkowych komórek płciowych i w przebiegu spermatogenezy.

W pierwszej publikacji cyklu (**P1**), Habilitantka analizowała interesujący przypadek nosiciela kompleksowej rearanżacji chromosomowej t(6;10;11) o potwierdzonej niepłodności i obniżonej ruchliwości plemników (astenozoospermia). Opisany przypadek t(6;10;11) stanowił typ I KRC, tzw. rearanżację trójstronną, w której każdy z zaangażowanych chromosomów miał jeden punkt złamania. We współpracy z Uniwersytetem we Lwowie przeprowadzono szczegółową charakterystykę punktów złamań chromosomów, określono częstość plemników niezrównoważonych genetycznie, dodatkowo oceniono poziom występowania aneuploidii chromosomów oraz zbadano integralność chromatyny plemnikowej mierząc poziom stopnia protaminacji chromatyny plemnikowej oraz fragmentacji DNA plemnikowego. Trzeba podkreślić, że ocena protaminacji chromatyny u nosiciela KRC stanowiła pionierski wynik, a analiza fragmentacji DNA plemnikowego była drugim opisem w literaturze światowej.

Przypadek nosiciela chromosomu markerowego, opisanego wstępnie jako 47,xy+mar został opublikowany w drugiej pracy cyklu (**P2**). Kontynuując współpracę z Uniwersytetem we Lwowie i Uniwersytecie w Pittsburghu, dzięki barwieniu cytogenetycznemu GTG, analizie genomowej z użyciem mikromacierzy aCGH oraz analizie FISH określono różnice w lokalizacji wewnątrzjądrowej chromosomów 15,18, X i Y oraz chromosomu markerowego w plemnikach nosiciela 47,xy+mar, zawierających chromosom markerowy (sSMC+) lub w plemnikach bez chromosomu markerowego (sSMC-), pochodzących z tego samego ejakulatu, co stanowiło pierwsze doniesienie literaturowe tego typu. Dokonanie dokładnej charakterystyki molekularnej chromosomu markerowego pozwoliło na uszczegółowienie jego zapisu cytogenetycznego.

W trzeciej pracy cyklu habilitacyjnego (**P3**) zawarte zostały wyniki badań stanowiące poszerzenie analiz pierwotnie wykonanych w ramach pracy doktorskiej dla kompleksowej

rearanżacji chromosomowej typu II, charakteryzującej się wystąpieniem co najmniej dwóch miejsc złamań na jednym z zaangażowanych chromosomów. Analizowano KRC pomiędzy chromosomami w przypadku rodzinnym, t(1;7), dwóch braci oraz matki. Poza barwieniem GTG, FISH i mFISH prezentowanym wcześniej, wykonano analizy molekularne, wnoszące nowe dane, takie jak mapowanie punktów złamań (BAC-FISH), analizę całogenomową z użyciem mikromacierzy aCGH oraz stworzono model 3D kompleksu synaptonemalnego. Wartościowe uzupełnienie stanowił przegląd piśmiennictwa, dzięki któremu przygotowano zestawienie przypadków męskich nosicieli KRC o potwierdzonych problemach z rozrodem. Całość analiz była możliwa dzięki trwającej współpracy z zespołem z Uniwersytetu we Lwowie, z prof. AN. Yatsenko z Uniwersytetu w Pittsburghu oraz dr. T. Stokowym z Uniwersytetu w Bergen.

W spójnej tematycznie kolejnej pracy wchodzącej w skład osiągnięcia **(P4)**, kontynuowano badania w grupie mężczyzn z niepowodzeniami rozrodu będących jednocześnie nosicielami aberracji chromosomów takich jak: translokacje chromosomowe wzajemne, Robertsonowskie, KRC oraz inwersje chromosomowe. Analizowano globalny poziom metylacji DNA w plemnikach i dokonano jego korelacji z integralnością chromatyny plemnikowej, wykazując po raz pierwszy na świecie, że wzrostowi stopnia deprotaminacji chromatyny i fragmentacji DNA plemnikowego towarzyszy hipometylacja DNA. Powyższa publikacja potwierdza umiejętność nawiązywania i kontynuowania współpracy naukowej, w której do badań włączeni byli naukowcy z Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu, oraz z Uniwersytetu we Lwowie i Uniwersytetu w Moskwie.

Kontynuacja zagadnień epigenetycznych w męskiej niepłodności zaowocowała kolejną publikacją cyklu habilitacyjnego **(P5)**, w której dokonano analiz globalnej metylacji i hydroksymetylacji DNA plemników pacjentów o prawidłowym kariotypie ale z niepowodzeniami rozrodu i o obniżonej koncentracji i/lub ruchliwości plemników. Pionierskim podejściem, było zastosowanie sekwencyjnego algorytmu barwień, pozwalające na ocenę zmian w tym samym plemniku. Badania te prowadzono we współpracy z prof. P. Jędrzejczakiem z Pracowni Andrologii Ginekologiczno-Położniczego Szpitala Klinicznego UM w Poznaniu.

Cykl prac obejmujących osiągnięcie naukowe zamyka artykuł poglądowy **(P6)**, dotyczący znaczenia markerów epigenetycznych w rozwoju zarodkowych komórek płciowych i w spermatogenezie. Jest to bardzo wartościowe podsumowanie, opracowane na podstawie najnowszego, światowego piśmiennictwa. Scharakteryzowano dotychczas poznane zmiany epigenetyczne, zarówno DNA jak i histonów, i osadzono je na tle etapów i stadiów spermatogenezy, rozpoczynając od rozwoju macierzystych komórek rozrodczych, poprzez podziały mitotyczne i mejotyczne, kończąc na w pełni uformowanym plemniku. Na podkreślenie zasługuje zestawienie wyników badań przeprowadzonych na modelach mysich, dotyczących enzymów istotnych dla przebiegu spermatogenezy, powiązanych z regulacją epigenetyczną.

Podsumowując stwierdzam, że scharakteryzowanie unikatowych rearanżacji chromosomowych na poziomie molekularnym i wykazanie negatywnego wpływu występowania aberracji

chromosomowych na przebieg spermatogenezy i organizację jądra komórkowego plemnika oraz potwierdzenie występowania obniżonych parametrów nasienia u nosicieli aberracji chromosomowych i występowania wysokiej zmienności międzyosobniczej w badanych grupach pacjentów z niepowodzeniami rozrodu, niezależnie od kariotypu stanowi istotne osiągnięcie naukowe. Ważnym poznawczo jest również wykazanie zależności pomiędzy poziomem metylacji i hydroksymetylacji DNA plemnikowego, a stopniem protaminacji chromatyny oraz ruchliwością i morfologią plemników w pacjentów o obniżonych parametrach nasienia. W świetle powyższego uważam, iż osiągnięcie naukowe dr Marty Olszewskiej (udokumentowane cyklem 6 publikacji) wnosi istotny wkład do rozwoju uprawianej przez Habilitantkę dyscypliny naukowej i tym samym spełnia ustawowy warunek stawiany kandydatom do stopnia naukowego doktora habilitowanego.

III. Ocena pozostałych osiągnięć naukowo-badawczych

Pozostały dorobek naukowy dr Marty Olszewskiej, z wyłączeniem prac wskazanych jako osiągnięcie habilitacyjne, obejmuje 28 artykułów naukowych w tym 20 oryginalnych prac doświadczalnych opublikowanych w renomowanych czasopismach z bazy JCR, i 8 prac poglądowych. Habilitantka jest ponadto autorem jednej monografii i współautorem dwóch rozdziałów w podręcznikach oraz współautorem licznych doniesień konferencyjnych, prezentowanych na krajowych i międzynarodowych konferencjach naukowych.

Wśród wczesnych zagadnień naukowych, w które dr Olszewska była zaangażowana pod kierunkiem profesora Macieja Kurpisza należy wymienić badania związane z poszukiwaniem zmian w organizacji przestrzennej jądra komórkowego plemnika u pacjentów z niepowodzeniami rozrodu, będących jednocześnie nosicielami translokacji chromosomowych wzajemnych lub wykazujących podwyższony poziom aneuploidii. Badając centromery chromosomów obu grup pacjentów wykazała wysoką heterogenność lokalizacji chromosomów wobec płodnej grupy kontrolnej. Wyniki tych badań zostały opublikowane w dwóch pracach w *Chromosome Research* w 2008 r., i *BMC Medical Genomics* w 2008 r., wpisując się trwale w dane światowe. Badania stanowiące część rozprawy doktorskiej, pozwoliły Habilitantce udokumentować nadrzędną rolę kariotypu oraz hiperhaploidii w zaburzeniach lokalizacji chromosomów wobec stopnia protaminacji chromatyny i fragmentacji DNA plemnikowego.

Istotnym poznawczo było określenie lokalizacji chromosomów w plemnikach pacjentów o wysokim stopniu fragmentacji DNA plemnikowego przy użyciu metody FISH bezpośrednio w plemnikach poddanych analizie TUNEL, co pozwoliło na wykazanie różnic w pozycjonowaniu badanych centromerów w plemnikach z fragmentacją DNA wobec plemników prawidłowych. Do pionierskich można również zaliczyć wykazanie zmian w lokalizacji obszarów jąderkotwórczych, występujących na krótkich ramionach chromosomów akrocentrycznych nosicieli translokacji Robertsonowskich. Te ważne poznawczo wyniki zostały opublikowane w *Scientific Reports* w 2016 i w 2019 r.

Jednym z tematów badawczych, realizowanych podczas pracy nad doktoratem była cytogenetyka u nosicieli aberracji chromosomowych, ze szczególnym uwzględnieniem rearanżacji, badania wzorów segregacji mejotycznej i poziomu aneuploidii w plemniku oraz integralności chromatyny plemnikowej. Trzeba dodać, że ok 10% wszystkich opublikowanych wzorów segregacji pochodzi z macierzystego laboratorium, co stanowi cenny wkład w poradnictwo genetyczne. Habilitantka pracowała w zespole, który udokumentował unikatowość wzorów segregacji dla każdej z translokacji chromosomowej wzajemnej oraz podobieństwo wzorów segregacji u nosicieli o tych samych lub podobnych punktach złamań chromosomów. Wyniki tych badań opublikowano w *Reproductive Biology* w 2013 r. i *Journal of Human Genetics* w 2014 r.

Zainicjowana przez Habilitantkę ocena protaminacji chromatyny plemnikowej przy użyciu kwaśnego błękitu aniliny zaowocowała cennym wynikiem jakim było stwierdzenie obniżonego poziomu protaminacji u nosicieli aberracji chromosomowych i weszła na stałe do rutynowej analizy laboratoryjnej. Wyniki kolejnych badań, dotyczących odsetka genetycznie prawidłowych lub zrównoważonych plemników u nosicieli translokacji Robertsonowskich zostały zawarte w czasopiśmie *Cellular and Molecular Life Sciences* w 2020 r.

Warto dodać, że Habilitantka zapoczątkowała badania wysokorozdzielczej hybrydyzacji aCGH dla wybranych przypadków, dokonując pełnej charakterystyki mężczyzn z azoospermią - nosicieli unikatowych rearanżacji pomiędzy chromosomami 9 a 13, co zostało opublikowane w *Molecular Cytogenetics* w 2014 r. oraz rearanżacji chromosomu pochodnego der(Y) o nietypowej strukturze, przedstawionej w *Reproductive BioMedicine Online* w 2015 r. Kontynuację badań nietypowych przypadków aberracji strukturalnych chromosomów u nieplodnych mężczyzn stanowią prace (**P1 i P3**), wchodzące w skład dzieła habilitacyjnego, omówionego powyżej.

Efekty współpracy naukowej były przywoływane powyżej. Należy podkreślić, iż większość badań realizowano w ramach współpracy z badaczami z krajowych i zagranicznych ośrodków naukowych, m.in. z prof. D. Zastavną i dr N. Haleyuk'iem z Institute of Heredity Pathology, Ukraińskiej Akademii Nauk we Lwowie, z dr V. Chernykh'iem z Research Centre for Medical Genetics, Rosyjskiej Akademii Nauk w Moskwie i dr AN. Yatsenko z University of Pittsburgh, USA oraz z prof. A. Midro z Zakładu Genetyki Klinicznej Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku i dr JK. Wolskim z Kliniki Leczenia Nieplodności „Novum” w Warszawie.

Kolejny obszar poszukiwań naukowych Habilitantki stanowiły badania podłoża genowego męskiej nieplodności. Są to badania wielośrodkowe, koordynowane przez dr Yatsenkę z Uniwersytetu w Pittsburghu, dzięki którym, wykorzystując sekwencjonowanie całogenomowe WGS lub eksomowe WES, micromacierze aCGH oraz sekwencjonowanie RNA pojedynczych komórek scRNAseq jądra, odkryto warianty genetyczne warunkujące wystąpienie azoospermii w genach *TEX11*, *GCNA* oraz *TEX15*. Udokumentowanie patologicznych wariantów genów *TEX11* i *GCNA*

w azoospermii jest pionierskim doniesieniem dla człowieka, co zyskało poważne uznanie, wyniki te zostały opublikowane w 2015 r. w czasopiśmie o światowej renomie *New England Journal of Medicine* o najwyższym współczynniku wpływu (IF = 59.558) oraz w *Human Genetics* w 2021 r. i *Frontiers in Genetics* w 2023 r. Określenie kolejnych wariantów genetycznych dla 39 pacjentów z azoospermią było możliwe dzięki badaniom koordynowanym przez dr A. Malcher z macierzystego zakładu, a wyniki tych badań zostały opublikowane w *Andrology* w 2022 r.

Badania podłoża genowego w męskiej niepłodności zostały również wykonane dla grup mężczyzn o obniżonej liczbie plemników w nasieniu, od oligozoospermii do kryptozoospermii, co jednoznacznie wskazało potrzebę analiz genomowych na etapie diagnostyki u pacjentów z niepłodnością idiopatyczną.

Na podkreślenie zasługuje fakt poszerzenia wspólnych z Uniwersytetem w Pittsburghu badań genomowych o model zwierzęcy, wykorzystując myszy „knockout” niepłodności męskiej, co zaowocowało uzyskaniem projektu z NCN i umożliwiło prowadzenie badań dla czterech wybranych genów. Przy szerokiej współpracy (udział badaczy z Poznania, Niemiec, Norwegii i USA) wykazano wpływ mutacji w genie *Tce1* jako kluczowych w etiopatogenezie astenozoospermii w stopniu uniemożliwiającym naturalne zapłodnienie, co zostało opublikowane w czasopiśmie *Human Reproduction Online* w 2023 r. Kontynuując badania na modelu mysim, Habilitantka rozwija współpracę z ośrodkami w Polsce i Turcji i dąży do stworzenia panelu genowego dla konkretnego fenotypu niepłodności męskiej.

W dorobku naukowym dr Olszewskiej znajdują się również publikacje dotyczące proteomu plemnika i komórek macierzystych mięśnia sercowego, w których udział Habilitantki był drugoplanowy.

Aktualnie, dr Olszewska skupia się na realizacji projektu SONATA BIS, łącząc zagadnienia cytogenetyczne z epigenetycznymi, co prezentuje w pracach ujętych jako osiągnięcie naukowe **(P4, P5, P6)**, omówionych przeze mnie powyżej.

Łącznie, dr Olszewska jest współautorem 37 publikacji, w tym 34 artykułów naukowych (25 oryginalnych prac badawczych i 9 poglądowych). Wśród tych prac, 29 opublikowanych zostało w czasopismach z listy JCR, w 17 jest pierwszym autorem. Ich sumaryczny IF wynosi 154,938 (w tym 139,774 po uzyskaniu stopnia doktora) i 3165 punktów wg listy MEiN z 2021 r. Sumaryczna liczba cytowań wg bazy Web of Science wynosi 485 (436 bez autocytowań), a wg bazy Scopus 524 (476 bez autocytowań), a indeks Hirscha wg obu baz = 11.

Większość badań realizowała w ramach projektów naukowych finansowanych przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, Narodowe Centrum Nauki i Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (łącznie 13 projektów) i jednego zagranicznego, finansowanego przez National Institute of Health, USA, którego kierownikiem był prof. Alexander N. Yatsenko. Przed uzyskaniem stopnia doktora była wykonawcą lub głównym wykonawcą w pięciu projektach, a po uzyskaniu

stopnia doktora dwukrotnie pełniła funkcję kierownika projektów, trzykrotnie była wykonawcą i czterokrotnie głównym wykonawcą i autorem lub współautorem projektów. Warto podkreślić, że efektem rozliczenia zakończonego już projektu SONATA, kierowanego przez Habilitantkę było 5 publikacji naukowych (4 indeksowane w bazie Web of Science), dwie prace licencjackie i 9 doniesień konferencyjnych, a w ramach nadal realizowanego projektu SONATA BIS, powstała 1 publikacja (indeksowana w bazie WoS), 1 praca magisterska i 6 doniesień konferencyjnych.

W ramach stypendium Erasmus+ dr Marta Olszewska odbyła dwa zagraniczne staże: w University of Bergen, w Norwegii, gdzie przedstawiła cykl wykładów nt. *Characteristics of sperm chromosome karyotyping, Y-chromosome microdeletion tests, and sperm chromatin integrity* oraz w Ondokuz Mayıs University w Samsun w Turcji prezentując cykl wykładów nt. *Characteristics of sperm chromatin integrity and sperm chromosomes*. W obu uczelniach prowadziła owocne konsultacje związane ze wspólnymi badaniami i planami naukowymi. Odbyła również 3.5 miesięczny staż w Uniwersytecie w Poznaniu, w Katedrze Biochemii i Biotechnologii, podczas którego opanowała immunohistochemiczną technikę barwienia skrawków mrożeniowych tkanek mysich. Ponadto, we wczesnym etapie kariery naukowej (2007) odbyła szkolenie z zakresu technik fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* w Niemczech.

Należy również podkreślić znaczącą aktywność Habilitantki w upowszechnianiu wiedzy podczas krajowych i międzynarodowych konferencji naukowych. Łącznie, były to 64 wystąpienia, w tym wykłady na zaproszenie oraz prezentacje ustne i plakatowe, pierwszoautorskie (31) i jako współautor (33).

W oparciu o powyższe dane stwierdzam, iż pozostałe osiągnięcia naukowe habilitantki (poza cyklem powiązanych tematycznie artykułów) również stanowią znaczący wkład w rozwój dyscypliny nauki medycznej, a udział w realizacji licznych projektów naukowych w oparciu o szeroką współpracę naukową w pełni odpowiada wymogom stawianym kandydatom do stopnia doktora habilitowanego.

Poza działalnością naukową dr Marta Olszewska, pomimo, iż nie ma obowiązku prowadzenia zajęć dydaktycznych, była promotorem 1 pracy magisterskiej (UP, Poznań), 2 prac licencjackich (UAM, Poznań) i opiekunem naukowym 21 studentów poznańskich uczelni oraz stypendystki finansowanej z projektu NCN i słuchaczki Poznańskiej Szkoły Doktorskiej Instytutów PAN, pełniąc funkcję promotora pomocniczego.

Habilitantka jest bardzo aktywna w działalności edytorskiej, biorąc udział w pracach komitetów redakcyjnych czasopism międzynarodowych. W latach 2008-2012 roku pełniła funkcję Associate Editor w *Central European Journal of Biology* wyd. De Gruyter Open, a od 2022 r. Academic Editor w *Human Mutation* i *Andrologia* wyd. Wiley, Editor w *Open Medicine* wyd. De Gruyter Poland Sp. z o.o., Topic Editor w *Frontiers in Genetics* wyd. Frontiers Media SA oraz w *Biomolecules* gdzie była członkiem Topical Advisory Panel (od 2021), a w *International Journal of Molecular Sciences*

członkiem Reviewer Board (od 2020), wyd. MDPI. Od wielu lat jest recenzentem manuskryptów (wykonała 90 recenzji) nadsyłanych do redakcji czasopism z listy JCR. Od 2018 r jest recenzentem i/lub ekspertem Narodowego Centrum Badań i Rozwoju. Oceniała również wnioski dla Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej, a od kilku lat jest wpisana na listę ekspertów w Fundacji na rzecz Nauki Polskiej i Agencji Badań Medycznych.

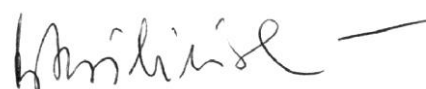
Dr Olszewska jest członkiem międzynarodowych organizacji naukowych i licznych towarzystw naukowych w Polsce. Od 2011 roku jest członkiem European Cytogenetic Association, w latach 2019-2020 była członkiem European Society of Human Reproduction and Embryology. Od 13 lat należy do Polskiego Towarzystwa Zwierząt Laboratoryjnych (PoLASA), jest członkiem Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka (od 2014) oraz Polskiego Towarzystwa Andrologicznego (od 2016) i Towarzystwa Biologii Rozrodu (od 2016), pełniąc od 2021 roku funkcję Sekretarza Poznańskiego Oddziału TBR.

Jest członkiem programu COST ANDRONET (CA20119 – *European Andrology Network – research coordination, education and public awareness*, którego celem jest podniesienie multidyscyplinarnej współpracy naukowej i wymiany danych między ośrodkami andrologicznymi oraz transfer wiedzy do krajów europejskich o mniej zaawansowanych badaniach poprzez stworzenie sieci współpracujących ze sobą jednostek naukowych na terenie Europy w tematyce męskiej płodności.

Podsumowując, ten aspekt osiągnięć budzi uznanie, wskazuje zaangażowanie i udział w życiu akademickim naukowego środowiska poznańskiego oraz podkreśla sylwetkę Habilitantki w międzynarodowym środowisku naukowym.

IV. Wniosek końcowy

Mając na uwadze istotny wkład wskazanego osiągnięcia naukowego do rozwoju uprawianej przez Habilitantkę dyscypliny naukowej, Jej wartościowy dorobek naukowy poza cyklem prac stanowiących dzieła habilitacyjne, osiągnięcia dotyczące współpracy naukowej i znaczący udział w realizacji projektów badawczych oraz zaangażowanie w prace redakcyjne stwierdzam, że dr nauk med. Marta Olszewska spełnia wszystkie kryteria stawiane kandydatom do stopnia doktora habilitowanego określone w art. 219 ust.1 pkt 2, ustawy z dnia 20 lipca 2018 r Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce. Na tej podstawie wnioskuję do Rady Naukowej Instytutu Genetyki Człowieka PAN w Poznaniu o nadanie dr n. med. Marcie Olszewskiej stopnia naukowego doktora habilitowanego w dziedzinie nauk medycznych, w dyscyplinie nauki medyczne.



prof. dr hab. Barbara Bilińska
czł. korespondent PAN