



Poznań, 09.02.2022

Wojciech Karłowski, prof. dr hab.
Zakład Biologii Obliczeniowej UAM

Ocena osiągnięć naukowych dr Luizy Handschuh w związku z ubieganiem się o stopień doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauk biologicznych.

Uwagi wstępne

Ocena osiągnięć dr Luizy Handschuh została wykonana na podstawie następujących materiałów:

1. Autoreferatu zawierającego omówienie przebiegu kariery oraz osiągnięć w działalności naukowej.
2. Cyklu siedmiu publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe wraz z oświadczeniami współautorów.
3. Wykazu pozostałych osiągnięć naukowych, w tym opublikowanych prac oraz przedstawionych komunikatów konferencyjnych.
4. Materiałów elektronicznych załączonych do wniosku oraz informacji dostępnych w bazach danych.

Dr Luiza Handschuh ukończyła studia na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu i uzyskała tytuł magistra biologii w zakresie biologii molekularnej w 1998 r. Stopień doktora nauk chemicznych w dziedzinie biochemii otrzymała w 2005 roku w Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu w oparciu o rozprawę doktorską pod tytułem "Białka podklasy PR-10.2 łubinu żółtego". Praca doktorska została wykonana pod opieką prof. IChB PAN dr hab. Michała Sikorskiego. W latach 2005 - 2018 r. dr Handschuh była zatrudniona na stanowisku specjalisty i starszego specjalisty w Katedrze i Klinice Hematologii i Transplantacji Szpiku Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu. Od 2006 roku Habilitantka pracowała kolejno na stanowiskach asystenta, adiunkta i starszego specjalisty w Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu. Od 2015 roku dr Handschuh pełni funkcję kierownika Pracowni Genomiki IChB PAN, a w latach 2016-2017 była wykładowcą na Wydziale Technologii Chemicznej Politechniki Poznańskiej.

Ocena osiągnięcia naukowego

Dr Luiza Handschuh przedstawiła jako osiągnięcie naukowe cykl 7 publikacji pod wspólnym tytułem "Charakterystyka molekularna ostrej białaczki szpikowej z wykorzystaniem badań transkryptomicznych". Tytuł osiągnięcia naukowego trafnie przedstawia zagadnienia poruszane w prezentowanym cyklu prac.



Publikacje przedstawione w ramach osiągnięcia naukowego można podzielić na trzy grupy: prace metodyczne, eksperymentalno-badawcze oraz praca przeglądowa. Jednocześnie Habilitantka wskazuje na bezpośrednią zależność między tymi pracami, co moim zdaniem ma uzasadnienie tylko w części przedstawionych materiałów.

Pierwsza praca metodyczna wchodząca w skład osiągnięcia naukowego (Uszczyńska et al. 2013) jest artykułem opisującym siedmiostopniową metodę wyboru optymalnej procedury normalizacji danych pochodzących z eksperymentów z wykorzystaniem małych mikromacierzy drukowanych ('boutique arrays'). Autorzy przetestowali funkcje statystyczne dostępne w środowisku R w oparciu o dane otrzymane podczas eksperymentów związanych z badaniem ostrej białaczki szpikowej (AML), astmy i alergii oraz dane publicznie dostępne. Opierając się na wskazaniach bibliometrycznych (grudzień 2021 WoS: 3), można stwierdzić, że opisana metodyka nie spotkała się z szeroką akceptacją w środowisku naukowym. Dr Handschuh była odpowiedzialna w tym projekcie za wykonanie dwóch eksperymentów mikromacierzowych wykorzystanych w przedstawionych analizach. Chociaż praca dotyczy ewaluacji metod obliczeniowych i rodzaj danych użytych do testów mógł nie mieć decydującego wpływu na jej wynik, to udział Habilitantki wydaje się znaczący, ponieważ razem z Piotrem Kozłowskim koordynowała prace, brała udział w przygotowaniu manuskryptu i pełniła rolę autora korespondującego.

Kolejne dwa artykuły z grupy prac o charakterze metodycznym opisują wykorzystanie techniki MLPA kolejno (i) w identyfikacji mutacji na przykładzie genu *NPML* (Marcinkowska-Swojak et al. 2016) oraz (ii) w oznaczeniu wzbogacenia bibliotek DNA w metodzie sekwencjonowania eksomu (Klonowska et al. 2016).

W pierwszej z tych prac autorzy opracowali i przetestowali metodę, która umożliwia określenie trzech najczęściej występujących mutacji genu *NPML* oraz zmian liczby jego kopii w genomie. Praca spotkała się z umiarkowanym zainteresowaniem ze strony środowiska naukowego (grudzień 2021 WoS: 5). W tym projekcie dr Handschuh odpowiedzialna była za przygotowanie preparatów kwasów nukleinowych, sekwencjonowanie oraz wykonanie analizy statystycznej. Ważną rolę Habilitantki dodatkowo podkreśla pozycja równorzędnego pierwszego autora.

Realizacja badań opisanych w drugiej pracy pozwoliła autorom na opracowanie nowej strategii oznaczania efektywności wzbogacenia bibliotek DNA przeznaczonych do sekwencjonowania eksomu. Przeprowadzili oni testy na różnych etapach przygotowania wzbogaconych bibliotek pochodzących od pacjentów chorych na AML wykorzystując specjalnie zaprojektowane sondy w reakcji MLPA. Niestety, także ta praca spotkała się z ograniczonym zainteresowaniem wśród naukowców (grudzień 2021 WoS: 3). Podobnie jak w poprzedniej pracy, Habilitantka była odpowiedzialna za przygotowanie preparatów DNA, bibliotek do sekwencjonowania i przeprowadzenie eksperymentu NGS. Razem z autorem korespondującym brała także udział w przygotowaniu manuskryptu.

W trzech omówionych powyżej pracach o profilu metodycznym, Habilitantka była głównie odpowiedzialna za przeprowadzenie eksperymentów oraz przygotowanie danych do analiz i ewaluacji. Elementem wiążącym te publikacje jest wykorzystanie materiału pochodzącego od pacjentów chorych na AML. Należy jednak zaznaczyć, że metody i strategie opracowane w ramach



przedstawionych badań mają potencjalnie znacznie szersze zastosowanie. Dlatego dziwi mnie trochę, że w większości pozostałych prac stanowiących osiągnięcie naukowe Habilitantki, nie ma jednoznacznej informacji o ich dalszym wykorzystaniu. Zaskakuje również bardzo umiarkowana reakcja środowiska naukowego na wyniki przedstawione w powyższych publikacjach.

Kolejne trzy prace zaprezentowane w ramach osiągnięcia naukowego mają w przeważającej części charakter eksperymentalno-badawczy (Handschuh et al. 2018, Handschuh et al. 2018, Handschuh et al. 2021).

W pierwszej z nich autorzy zastosowali technikę mikromacierzy w celu analizy ekspresji ponad 800 ludzkich genów zaangażowanych w procesy wytwarzania komórek krwi, apoptozę i transformację białaczkową. Badania prowadzone były na grupie 33 pacjentów ze zdiagnozowaną AML (podtypy M1 i M2) oraz na 15 zdrowych osobach. Na podstawie analizy wyników hybrydyzacji autorom udało się zidentyfikować 83 geny, które w materiale pochodzącym od chorych miały najbardziej zmieniony poziom ekspresji. Część z otrzymanych wyników potwierdziła obserwacje publikowane już poprzednio, jak np. podwyższoną ekspresję genu *STMN1*. Jednocześnie zaobserwowano różnicową ekspresję genów (np. *RPLP0*, *ENO1* oraz *FCN1*) po raz pierwszy powiązaną w tych badaniach ze schorzeniem AML. Uzyskane wyniki przeanalizowano w kontekście klasyfikacji FAB podtypów AML, mutacji w genach *FLT3* i *NPM1* oraz odpowiedzi na stosowane leczenie. Przedstawione rezultaty spotkały się z dużym zainteresowaniem środowiska naukowego (grudzień 2021 WoS: 27). Dr Handschuh pełniła w tej publikacji rolę pierwszego i korespondującego autora. Habilitantka brała aktywny udział we wszystkich etapach badań - od przygotowania projektu grantowego, poprzez wykonanie i nadzorowanie eksperymentów, do przygotowania manuskryptu i zdeponowania danych. Chociaż pewien niedosyt budzi wielkość testowanej populacji oraz liczba genów uwzględnionych w przeprowadzonych analizach, to uważam tę pracę za interesującą i stanowiącą widoczny wkład w badania nad zmianami ekspresji genów w przebiegu choroby AML.

W kolejnej publikacji z tej grupy Habilitantka badała wraz z zespołem zmiany poziomu alternatywnych transkryptów genu *NPM1* u osób chorych na AML oraz na ostrą białaczkę limfoblastyczną (ALL) (Handschuh et al. 2018). Przy użyciu techniki ddPCR autorzy zbadali poziom trzech alternatywnych transkryptów tego genu w grupie 57 osób ze zdiagnozowaną AML, 8 osób ze zdiagnozowaną ALL typu B (ALL-B) oraz u jednej osoby z ostrą białaczką bifenotypową. Jednocześnie autorzy monitorowali stan mutacji genów *NPM1* i *FLT3* oraz fuzję genów *RUNX1/RUNX1T1*. We wszystkich rodzajach białaczki poziom badanych alternatywnych form transkryptów był większy niż w próbach kontrolnych, przy czym najwyższy poziom występowania zaobserwowano dla transkryptu *NPM1.1*. Ponadto, autorzy przeanalizowali poziom akumulacji trzech form transkryptów na różnych etapach rozwoju choroby AML i wskazali na związek poziomu ekspresji genu *NPM1* z odpornością pacjentów na terapię oraz z całkowitą remisją choroby. Dla części badanych pacjentów chorych na AML autorzy wykonali analizę RNA-seq, która pozwoliła na porównanie poziomu występowania wariantów splicingowych genu *NPM1* z poziomem ekspresji innych genów. W publikacji potwierdzono łącznie obecność 11 różnych transkryptów genu *NPM1*. Jeden z nich (*NPM1.9*), bardzo krótki i oznaczony jako niekodujący, został wskazany w tych eksperymentach jako transkrypt występujący na podwyższonym poziomie. Ponadto, autorzy przeprowadzili analizę czynników zaangażowanych w splicing i podjęli próbę



identyfikacji genów, które wykazują zmienioną ekspresję i mogą mieć potencjalny wpływ na akumulację alternatywnych form transkryptów genu *NPM1*. Przedstawiona praca spotkała się do tej pory z umiarkowanym zainteresowaniem (grudzień 2021 WoS: 8). Dr Handschuh jest w niej pierwszym i korespondującym autorem. Habilitantka wykonała wszystkie eksperymenty, przeprowadziła analizę wyników oraz przygotowała manuskrypt.

W ostatniej publikacji z grupy prac eksperymentalnych autorzy badali zmiany poziomu ekspresji genów kodujących białka z rodziny *BCL2* (Handschuh et al. 2021). Dr Handschuh z zespołem trzech naukowców opisała w tej pracy wyniki analizy 26 genów z rodziny *BCL2* opracowane na podstawie danych pochodzących z badań nad 27 pacjentami chorymi na AML (podtypy M1 i M2). Autorzy zidentyfikowali trzy geny należące do tej rodziny (*BMF*, *BNIP1* oraz *HRK*), dla których u pacjentów z AML zaobserwowano statystycznie znaczącą obniżoną ekspresję. Ponadto udało im się ustalić, że oporność na terapię powiązana jest z podwyższonym poziomem ekspresji genu *BCL2L1* kodującym białko BCL-XL o funkcji antyapoptycznej. Autorzy przeanalizowali również zmianę poziomu ekspresji genów kodujących białka wchodzące w interakcje z BCL-XL i znaleźli przykłady genów (*BECN1* i *MDM2*), których ekspresja jest silnie skorelowana z aktywnością genu *BCL2L1*. Powiązali oni także wysoki poziom ekspresji niektórych genów z rodziny *BCL2* ze wskaźnikiem niekorzystnego rokowania w przebiegu choroby. Przeprowadzone badania zostały rozszerzone o analizę korelacji między obecnością wybranych mutacji a poziomem ekspresji genów z rodziny *BCL2*. Praca opublikowana w połowie 2021 roku nie była jeszcze cytowana (grudzień 2021 WoS). Podobnie jak w poprzednich artykułach dr Handschuh jest w niej pierwszym i korespondującym autorem. Habilitantka wykonała eksperyment RNA-seq i brała udział we wszystkich ważnych etapach badań opisanych w publikacji – od tworzenia koncepcji do przygotowania i opublikowania manuskryptu.

Zestaw publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe dr Luizy Handschuh wieńczy praca przedstawiająca przegląd literatury związanej z badaniami transkryptomocznymi nad ostrą białaczką szpikową. Autorka skrupulatnie przedstawia postęp badań rozpoczynając od prac nad pojedynczymi genami do zastosowania nowoczesnych technik wysokoprzepustowych. Osiągnięcia badań transkryptomocznymi prezentowane są m.in. w kontekście różnic pomiędzy AML i innymi schorzeniami, podtypów AML, terapii, grup wiekowych, mikrośrodowiska szpiku kostnego, mikroRNA, specyficznych mutacji oraz genów markerowych. W artykule przedstawiony jest także rosnący potencjał nowych technologii. Autorka omawia również wyniki prac związanych z badaniami nad specyficznymi rodzajami transkryptów, takich jak produkty alternatywnego splicingu, chimeryczne RNA, koliste RNA oraz RNA będące wynikiem fuzji genów. Na zakończenie opracowania przedstawione zostały wyniki badań związanych z profilowaniem ekspresji niekodujących RNA (piRNA, snoRNA oraz lncRNA). Praca jest bardzo obszerna (36 stron) i jest adresowana do specjalistów zajmujących się badaniami nad białaczką. Prawdopodobnie z tego powodu, spotkała się ona z umiarkowanym zainteresowaniem mimo swojego przeglądowego charakteru (grudzień 2021 WoS 25). Dr Handschuh jest jedynym autorem tego opracowania i zaprezentowała ona w nim swoje wysokie kompetencje i wiedzę z zakresu badań nad ostrą białaczką szpikową w kontekście szeroko pojętych badań molekularnych.

Zestaw prac przedstawiony przez dr Luizę Handschuh jako osiągnięcie naukowe stanowi zbiór ciekawych i zróżnicowanych publikacji. Szkoda tylko, że badania prowadzone były na stosunkowo



małą skalę, o czym sama Autorka wspomina w Autoreferacie. Dotyczy to zarówno wielkości badanej populacji, jak i liczby analizowanych genów. Dane przedstawione w pracy przeglądowej wyraźnie pokazują, że projekty realizowane w innych ośrodkach obejmowały znacznie szerszy zakres badań. W efekcie uzyskane wyniki ograniczają się w dużej części do potwierdzenia opublikowanych rezultatów lub mają jedynie charakter komplementujący.

Z drugiej strony trudno nie docenić zaangażowania dr Handschuh w prowadzenie badań nad tak trudnym i skomplikowanym tematem. Habilitantka w sposób entuzjastyczny uczy się i stosuje w swoich badaniach nowoczesne techniki biologii molekularnej. Należy także pamiętać o wadze realizacji tego typu projektów na lokalnych populacjach. Takie podejście może pomóc w identyfikacji specyficznych czynników związanych z chorobą, które mogą zostać pominięte w badaniach na dużą skalę.

Poza jednym wyjątkiem wszystkie prace przedstawione przez dr Handschuh w ramach osiągnięcia naukowego są wspólnymi publikacjami wielu autorów. W 4 artykułach Kandydatka występuje jako pierwszy autor, a w 5 jest autorem korespondującym. Przekrój stosowanych metod badawczych wskazuje, że dr Luiza Handschuh operuje nowoczesnymi technikami molekularnymi i metodami komputerowej analizy danych.

Współczynnik wpływu czasopism (Impact Factor; IF), w jakich opublikowane zostały prace przedstawione w ramach osiągnięcia naukowego zawiera się w zakresie od 1.957 do 6.639. Na uwagę zasługuje fakt, że w najwyższej punktowanej pracy, czyli publikacji z *Cancers (Basel)* z 2021 roku, dr Handschuh występuje jako pierwszy autor.

Artykuły przedstawione jako osiągnięcie naukowe były cytowane od 0 do 27 razy (grudzień 2021 WoS; bez autocytowań). Najczęściej cytowana była publikacja opisująca wyniki analizy ekspresji wybranych genów metodą małych mikromacierzy drukowanych. Ukazała się ona w 2017 roku i Kandydatka jest jej pierwszym i korespondującym autorem. Pozostałe 5 prac było cytowanych (bez autocytowań) 1, 3, 5, 8 i 25 razy (odpowiednio: Uszczyńska et al. 2013, Klonowska et al. 2016, Marcinkowska-Swojak et al. 2016, Handschuh et al. 2018 i Handschuh 2019).

Podsumowując osiągnięcie naukowe przedstawione przez dr Luizę Handschuh stwierdzam, że wyniki prac badawczych dotyczących charakterystyki molekularnej ostrej białaczki szpikowej z wykorzystaniem analiz transkryptomicznych wnoszą interesujący wkład w rozwój dyscypliny nauki biologicznej. Biorąc pod uwagę korzystne aspekty zaprezentowanych badań pozytywnie oceniam dorobek dr Luizy Handschuh przedstawiony jako osiągnięcie naukowe.

Ocena pozostałego dorobku naukowo-badawczego

Na pozostały dorobek naukowy dr Luizy Handschuh składa się 38 publikacji, w tym 23 opublikowano w czasopismach, dla których podany jest współczynnik oddziaływania IF. Część z nich ukazała się jako rezultat badań prowadzonych przez Kandydatkę przed uzyskaniem stopnia doktora. W tym czasie dr Handschuh zajmowała się analizą roślinnych białek związanych z patogenezą (PR). Wyniki uzyskane w tym okresie ukazały się w 3 publikacjach, 1 w czasopiśmie



bez IF oraz 2 w periodykach o współczynniku oddziaływania IF_{2006} 1.363 oraz IF_{2004} 1.693 (odpowiednio: *Acta Biochem Pol* oraz *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr*). W tym okresie dr Handschuh przygotowała także pracę przeglądową opisującą rolę etylenu w reakcjach obronnych roślin (*Biotechnologia*; brak IF).

Po uzyskaniu stopnia doktora Habilitantka współpracowała z dr hab. Markiem Figlerowiczem w ramach nowo powołanego Centrum Doskonałości CENAT przy Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu oraz z prof. Mieczysławem Komarnickim z Katedry i Kliniki Hematologii i Chorób Rozrostowych Układu Krwiotwórczego Uniwersytetu Medycznego im. K. Marciniowskiego w Poznaniu. W ramach tej współpracy dr Handschuh prowadziła badania nad ostrą białaczką szpikową i w tym czasie, poza cyklem prac przedstawionym jako osiągnięcie naukowe, opublikowała dodatkowo 4 artykuły. Są to 2 publikacje o charakterze eksperymentalnym, które ukazały się w *Journal of Proteomics* i *Medical Oncology* (odpowiednio o IF_{2011} 4.878 oraz IF_{2012} 2.147) oraz 2 opracowania przeglądowe opublikowane w *Contemporary Oncology* (IF_{2011} 0.104) oraz w *Biotechnologii* (bez IF). W przypadku drugiej pracy przeglądowej Habilitantka jest pierwszym i korespondującym autorem. Dr Handschuh współpracowała również w zakresie badań nad AML z wykorzystaniem danych RNA-seq z Uniwersytetem Przyrodniczym w Poznaniu, co zaowocowało publikacją w *Biomed Research International* (IF_{2014} 1.579).

Zainteresowania Habilitantki nowoczesnymi technikami wysokoprzepustowymi wykorzystywanymi do analizy ekspresji, w tym szczególnie technologiami mikromacierzowymi, pozwoliły jej na udział w projektach badawczych o zróżnicowanej tematyce. Dzięki temu została ona współautorem 8 publikacji we współpracy z badaczami z Politechniki Poznańskiej oraz Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Prace te ukazały się w czasopismach bez wyznaczonego współczynnika oddziaływania IF (*Na pograniczu chemii i biologii*, 4 prace w *Biotechnologii*, *Colloquium Biometricum* oraz 2 prace w *Computational Methods in Science and Technology*). Mają one charakter przeglądowy i w 2 z nich dr Handschuh jest pierwszym autorem. Habilitantka zaangażowana była również w projekt mający na celu detekcję transpozonów Tc1-2 w genomach ryb i wyniki tych badań zostały opublikowane w *Marine Biology Research* (IF_{2010} 1.484). Najlepiej cytowana praca z tej grupy, której dr Luiza Handschuh jest współautorem, jest wynikiem współpracy z zespołem prof. Hieronima Jakubowskiego (luty 2022 WoS 55). W czasopiśmie *Amino Acids* (IF_{2014} 3.293) autorzy opisali wyniki badań mających na celu określenie poziomu mRNA oraz miRNA w ludzkich komórkach śródbłonka żyły pępowinowej traktowanych *in vitro* pochodnymi homocysteiny. Uzyskane rezultaty stały się także podstawą do rejestracji dwóch patentów.

W ramach współpracy z dr Jolantą Szenajch z Wojskowego Instytutu Medycznego dr Handschuh prowadziła analizę zmian, jakie zachodzą w transkryptomach linii komórek raka jajnika w trakcie nabywania lekooporności. Rezultaty tych badań zostały opublikowane w *International Journal of Molecular Sciences* (IF_{2019} 4.556), a linie komórkowe uzyskane w wyniku realizacji tego projektu stały się podstawą do przyznania patentu. Owocem zainteresowania Habilitantki onkogenomiką jest również praca przeglądowa opisująca portale i bazy danych związane z tą tematyką (*Oncotarget* IF_{2015} 5.008).

Rozwój technologii sekwencjonowania NGS oraz możliwości aparaturowe dostępne w ramach Europejskiego Centrum Bioinformatyki i Genomiki (ECBiG) w Poznaniu przyczyniły się do



udziału Habilitantki w szeregu projektów badawczych. Analiza profilu ekspresji krótkich niekodujących RNA w gonadach świni wykonana przez dr Handschuh we współpracy z prof. Janem Wrześnińskim z IChB PAN została opublikowana w *PLoS One* (IF₂₀₁₃ 3.534). Dwie publikacje opisujące wykorzystanie techniki ChIP-seq powstały we współpracy z Centrum Onkologii w Gliwicach i ukazały się w *International Journal of Biochemistry & Cell Biology* (IF₂₀₁₃ 4.24) oraz w *Molecular Genetics and Genomics* (IF₂₀₁₄ 2.728). Kolejna praca opublikowana w czasopiśmie *Endocrine* (IF₂₀₁₆ 3.131) dotycząca analizy mutacji genów związanych z proteasomem jest efektem współpracy z dr Bartłomiejem Budnym. Projekt realizowany razem z zespołem prof. Jadwigi Jaruzelskiej z IGCz PAN w Poznaniu pozwolił na identyfikację genów regulowanych przez białka PUM1 i PUM2 i zaowocował publikacją w *Cells* (IF₂₀₁₉ 4.366). Dwie kolejne prace, które ukazały się w *Frontiers in Cellular Neuroscience* (IF₂₀₁₈ 3.9) oraz w *Molecular Neurobiology* (IF₂₀₁₈ 4.586) powstały jako rezultat współpracy z prof. Maciejem Figlem. W pierwszej z nich autorzy badali zmiany transkryptomyczne w młodzieńczej chorobie Huntingtona, natomiast druga związana była z badaniami nad mutacją typu *knock-in* w genie ataksyny 3 (ATXN3) prowadzonymi na modelu mysim. Współpraca z prof. Markiem Figlerowiczem dotycząca transkryptomiki roślin pozwoliła Habilitantce na publikację 2 artykułów w czasopismach *Cells* (IF₂₀₁₉ 4.366) oraz *Frontiers in Plant Science* (IF₂₀₁₉ 4.402). Obie prace dotyczyły badań nad kolistymi RNA w *Arabidopsis thaliana*.

Dr Luiza Handschuh była również zaangażowana w projekt realizowany wspólnie przez pracowników Wydziałów Historii oraz Biologii UAM, który dotyczył badania kopalnego DNA pozyskanego ze szczątków kostnych osób zamieszkujących obszar współczesnej Polski na początku naszej ery oraz we wczesnym średniowieczu. Otrzymane wyniki stały się podstawą do opublikowania dwóch prac w *Scientific Reports* (IF₂₀₁₇ 4.122 oraz IF₂₀₁₉ 4.011). Rozwinięciem tego projektu były badania prowadzone przez Habilitantkę z dr Anną Philips, które miały na celu analizę bakterii towarzyszących kopalnym szczątkom ludzkim. Umożliwiły one przygotowanie 2 artykułów, które ukazały się w *Gigascience* (IF₂₀₁₆ 4.122) oraz w *BMC Genomics* (IF₂₀₁₉ 3.594). Ponadto, w ramach prac związanych z badaniami genetycznymi przedstawicieli rodu Piastów, Habilitantka opublikowała opracowanie dotyczące założeń projektu i opisała perturbacje związane z jego realizacją (*Opolskie Studia Administracyjno-Prawne*, bez IF).

W projekcie realizowanym we współpracy z prof. Magdaleną Łuczak z IChB PAN dr Handschuh posłużyła się techniką ilościowego PCR w celu analizy ekspresji wybranych genów w leukocytach krwi obwodowej pacjentów z miażdżycą związaną z przewlekłą chorobą nerek. Wyniki przeprowadzonych doświadczeń zostały opublikowane w *Journal of Proteome Research* (IF₂₀₂₀ 4.466).

W ostatnim okresie dr Luiza Handschuh zaangażowała się w projekty związane z badaniem i zwalczaniem pandemii SARS-CoV-2. Habilitantka brała udział w pracach realizowanych przez zespół z IChB PAN, które miały na celu przygotowanie testu pozwalającego na detekcję wirusa. Badania prowadzone w ramach tego projektu spotkały się z dużym rozgłosem medialnym, a analizy porównawcze działania opracowanego testu zostały opisane w artykule opublikowanym w *Przeglądzie Epidemiologicznym* (bez IF).

Wszystkie publikacje dr Luizy Handschuh były cytowane 445 razy (luty 2022 WoS; bez autocytowań 419 razy), a współczynnik Hirscha wynosi w jej przypadku 12. Są to wyniki dobre i



porównywalne do osiągnięć innych naukowców zajmujących się podobną tematyką na tym etapie rozwoju kariery.

Na dorobek naukowy dr Luizy Handschuh składa się również jej aktywny udział w konferencjach krajowych i międzynarodowych. Uczestniczyła ona łącznie w 25 konferencjach i była współautorem 29 komunikatów konferencyjnych. Habilitantka kierowała jednym projektem badawczym (NCN MINATURA) oraz była wykonawcą w 25 innych grantach. Ponadto uczestniczyła ona aktywnie w przygotowywaniu projektów badawczych oraz recenzji manuskryptów.

Podsumowując uznaję, że pozostały dorobek i aktywność naukowa dr Luizy Handschuh są wystarczające dla ubiegania się o stopień doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauk biologicznych.

Ocena końcowa

Stwierdzam, że przedstawione do oceny osiągnięcia naukowe dr Luizy Handschuh spełniają wymogi stawiane w art. 219 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2018 poz. 1668 ze zm.). W związku z tym pozytywnie opiniuję wniosek o nadanie dr Luizie Handschuh stopnia doktora habilitowanego w dziedzinie nauk ścisłych i przyrodniczych, w dyscyplinie nauk biologicznych.

Wojciech Karłowski