

Recenzja

Rozprawy doktorskiej mgr Marty Biedrzyckiej

**„Struktury klonalne populacji wytwarzających karbapenemazy
szczepów *Klebsiella* spp. w Polsce: genotypy epidemiczne,
ich filogeneza, mechanizmy lekooporności i czynniki zjadliwości”**

**wykonana w Zakładzie Mikrobiologii Molekularnej
Narodowego Instytutu Leków w Warszawie
pod kierunkiem promotora dr hab. n. med. Radosława Izdebskiego**

Tematyka rozprawy doktorskiej mgr Marty Biedrzyckiej jest bardzo ważna w dobie współczesnych, globalnych problemów rozprzestrzeniania się wieloopornych, wytwarzających karbapenemazy (CPE) pałeczek Gram-ujemnych, których udział w zakażeniach może powodować poważne zagrożenie dla życia chorych. Jest to niesłychanie ważny i trudny problem współczesnej medycyny. Z tego też względu prowadzenie szczegółowych badań genetycznych szczepów *Klebsiella* spp. wytwarzających karbapenemazy, kluczowych w zjawisku wielooporności pałeczek Gram-ujemnych, ich opracowanie filogenetyczne powiązane z mechanizmami oporności oraz cechami wirulencji jest niezwykle ważne i cenne dla bieżącej i przyszłej oceny sytuacji epidemiologicznej w Polsce. Podobnie jak stworzenie bazy opublikowanych wyników przeprowadzonych badań, umożliwiających wykorzystanie ich do dalszych analiz porównawczych, nowych izolowanych szczepów *Klebsiella* spp., które mogą pojawić się w Polsce, krajach ościennych i innych krajach europejskich.

Rozprawa doktorska mgr Marty Biedrzyckiej, obejmuje cykl czterech publikacji w języku angielskim, których zakres tematyczny wykonanych badań jest ściśle związany z tytułem prezentowanej rozprawy. Konstrukcja pracy zawiera wszystkie elementy wymagane do omówienia zrealizowanego obszaru badawczego. Na wstępie - Streszczenie (w języku

polskim i angielskim) zawiera krótką charakterystykę wykonanej pracy doktorskiej wraz z teoretycznym uzasadniającym podjęcia ukierunkowanych badań, ich zakresu, uzyskanych wyników i końcowych wniosków. Ważnym elementem pracy jest bardzo dobrze opracowane (w języku angielskim), liczące 29 stron Wprowadzenie do rozprawy, w którym zostało scharakteryzowane, w oparciu o najnowsze dane z piśmiennictwa, znaczenie kliniczne rodzaju *Klebsiella*, szczególnie kompleksów gatunków *Klebsiella pneumoniae* (KpSC) i *Klebsiella oxytoca* (KoSC), wykazujących globalny zasięg występowania oraz pokrewieństwo z innymi gatunkami i podgatunkami *Klebsiella*. Różnorodność fenotypowa i genetyczna *Klebsiella* spp. została ujęta w powiązaniu z tłem epidemiologicznym zakażeń. Kluczowym elementem przedstawionego Wprowadzenia jest dokładne omówienie mechanizmów oporności na środki przeciwdrobnoustrojowe *Klebsiella* spp., wytwarzanie nabytych β -laktamaz i karbapenemaz z graficznie opracowanym przebiegiem ewolucji wybranych mechanizmów oraz chronologiczne prześledzenie postępującego, u wielu gatunków pałeczek Gram-ujemnych, wytwarzania nowych karbapenemaz. Opisane główne czynniki wirulencji *Klebsiella* spp. są również bardzo dobrze przygotowanym opracowaniem wprowadzającym w szczegółowe informacje o ich znaczeniu, mechanizmach działania wraz opisem mobilnych elementów genetycznych powiązanych z genami, które kodują je i karbapenemazy. Szeroki zakres świetnie przedstawionych informacji, popartych piśmiennictwem, wskazuje na bardzo dobre przygotowanie teoretyczne doktorantki do realizacji badań w ramach rozprawy doktorskiej.

Po części Wprowadzenia do rozprawy, przedstawiona jest Dyskusja, następnie wyznaczone Cele pracy i umieszczone Publikacje zawarte w pracy oraz sformułowane Wnioski. Kolejnym punktem jest spis wykorzystanego Piśmiennictwa (309 pozycji) i Oświadczenia współautorów publikacji zawartych w rozprawie, potwierdzające zakres udziału mgr Marty Biedrzyckiej w ich realizacji wraz ze zgodą na wykorzystanie w pracy doktorskiej. Przedstawiona rozprawa liczy 216 stron.

Dyskusja zawiera szeroką interpretację uzyskanych wyników badań, zawartych w czterech publikacjach, stanowiących główny element rozprawy. Przedstawienie bardzo dokładne, teoretycznego obszaru prezentowanych wyników na bazie aktualnych danych oraz najnowszych wykonanych analiz również z prac przygotowanych do druku, daje rzetelny obraz interpretacji wykonanej przez doktorantkę oceny uzyskanych wyników badań w ramach rozprawy. Mgr Marta Biedrzycka w dyskusji prezentuje szeroką, bardzo szczegółową wiedzę w zakresie epidemiologii molekularnej klonów KpSC i KoSC produkujących karbapenemazy,

występujących linii filogenetycznych, klonalności powiązaną z bioinformatycznymi analizami badań genetycznych z uwzględnieniem obszaru występowania i transmisji badanych szczepów. Szeroko przeprowadzona dyskusja, wykazała głęboką wiedzę doktorantki o badanych mechanizmach genetycznych, zasadach ich klasyfikacji, analiz porównawczych z wykorzystaniem warsztatu metodycznego opartego na rekomendowanych nowoczesnych metodach badawczych biologii molekularnej drobnoustrojów. Wysoki poziom przeprowadzonych analiz genetycznych i ich interpretacji jest zapewne, wynikiem również rzetelnej opieki nad doktorantką promotora o bardzo dużym doświadczeniu, w najlepszej w Polsce jednostce badawczej zajmującej się analizami szczepów wieloopornych pałeczek Gram-ujemnych, wysoko ocenianej wśród międzynarodowych ośrodków naukowych.

Głównym celem przeprowadzenia badań ujętych w rozprawie było poznanie i zrozumienie czynników oraz mechanizmów napędzających ekspansję szczepów CP *Klebsiella* spp. w Polsce w latach 2006–2019 oraz w pierwszym roku wojny na Ukrainie, od marca 2022 do lutego 2023 roku. Realizacja postawionych celów polegała na zbadaniu roli klonalnej ekspansji badanych pałeczek oraz HGT (horyzontalnego transferu genów) i MGES (ruchomych elementów genetycznych) niosących geny kodujące karbapenemazy oraz czynniki wirulencji. Genotypy epidemiczne szczepów zostały zidentyfikowane i scharakteryzowane pod względem molekularnymi, co umożliwiło określenie ich pochodzenia. Ważną częścią przeprowadzonych badań była analiza molekularna i genomiczno-bioinformatyczna izolatów CP PPSC i KoSC pochodzących z ośrodków medycznych w Polsce. Zostały zidentyfikowane i scharakteryzowane pod względem molekularnym i epidemiologicznym, a także wyjaśniono ich możliwe pochodzenie i import. Przeprowadzono obszerne analizy molekularne i genomiczno-bioinformatyczne izolatów CP KpSC i KoSC z polskich ośrodków medycznych.

Ujęte w rozprawie doktorskiej publikacje zawierające przeprowadzone badania, doktorantka zrealizowała zgodnie postawionymi celami rozprawy. Zachowana jest spójność tematyczna w całym cyklu publikacji, które zostały zrecenzowane i opublikowane w renomowanych zagranicznych czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym, co potwierdza duże znaczenie podjętego tematu rozprawy oraz wysokie umiejętności doktorantki, która we wszystkich pracach była pierwszym autorem.

Sumaryczna wartość wskaźników bibliometrycznych publikacji zawartych w rozprawie wynosi: 16.1 Impact Factor i 440 punktów MNiSW.

Pierwsza publikacja dotycząca rozprzestrzeniania się *K. pneumoniae* ST 147 NDM-1 w Polsce [Biedrzycka M, Urbanowicz P, Guzek A, Brisse S, Gniadkowski M, Izdebski R. (2021) Dissemination of *Klebsiella pneumoniae* ST147 NDM-1 in Poland, 2015-19. J Antimicrob Chemother. 76 (10):2538–2545, DOI: 10.1093/jac/dkab207] – została opublikowana w czasopiśmie o najwyższej kategorii – Q1, IF= 4.1; punkty MNiSW=140.

Publikacja zawiera Interesujące badania lokalizacji filogenetycznej w światowej populacji klonu wysokiego ryzyka - szczepów *K. pneumoniae* ST147 wytwarzających metalo- β -laktamazę-1 (NDM-1), które pojawiły się w Polsce z Turcji, w marcu 2015. Spośród zbadanych (w latach 2015 – 2019) 8925 izolatów *K. pneumoniae* NDM – 126 z nich (łącznie z pochodzącymi z Turcji) było spokrewnionych poprzez pochodne transpozonu Tn125, będące nośnikami genu PFGE i blaNDM. 47 izolatów, uznanych jako reprezentatywne w zgromadzonej puli zostało zsekwencjonowanych za pomocą Illumina MiSeq. Została również przeprowadzona analiza filogenetyczna oraz przeanalizowane wszystkie geny oporności na antybiotyki i geny odpowiedzialne za cechy zjadliwości oraz replikony plazmidowe. Stwierdzono jednorodność izolatów, z niewielkimi różnicami w ich rezystomach i profilach replikonów plazmidów. Badania wykazały ścisły klaster epidemiczny 40 izolatów w międzynarodowej linii filogenetycznej ST147. Cztery izolaty (producenci NDM-1) z Tunezji, Egiptu i Francji były najbliższe spokrewnione z polskimi. Praca zawiera również bardzo ciekawe opracowania graficzne np.: rozmieszczenie na terenie Polski izolatów *K. pneumoniae* ST147 NDM-1, drzewa filogenetycznego opartego na SNP czy porównanie plazmidu typu IncFIIK+IncFIBK kodującego NDM-1. Przeprowadzono szeregi analiz i porównań z danymi dostępnymi w GenBank. Publikacja dostarczyła również bardzo cennych informacji wskazujących na ciągłe rozprzestrzenianie się w Polsce od 2015 r., szczególnie w regionie warszawskim, *K. pneumoniae* ST147 NDM wykazujących bliskie pokrewieństwo ze szczepami regionu Morza Śródziemnego.

Druga publikacja obejmuje badania związane z wieloma regionami epidemii spowodowanych globalnymi i lokalnymi klonami *K. pneumoniae* produkującymi VIM w Polsce, w latach 2006-2019 [Biedrzycka M, Urbanowicz P, Brisse S, Palma F, Żabicka D, Gniadkowski M, Izdebski R (2024) Multiple regional outbreaks caused by global and local VIM-producing *Klebsiella pneumoniae* clones in Poland, 2006–2019. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 44 (3):619-628, DOI: 10.1007/s10096-024-05016-1] - czasopismo jest zakwalifikowane do kategorii Q1

(for Infectious Diseases and Miscellaneous Medicine) i Q2 (Medical Microbiology), IF=3.2; punkty MNiSW=100.

Praca dostarczyła również bardzo ważnych wyników badań wskazujących na dynamiczną epidemiologię pałeczek wytwarzających VIM, wynikającą z połączenia krążących różnych elementów kodujących VIM i jednoczesnego klonalnego rozprzestrzeniania się takich bakterii. Została przeprowadzona analiza danych sekwencjonowania 214 izolatów KpSC produkujących VIM, które uzyskano w Polsce w latach 2006-2019. Oceniono ich klonalność/filogenezę za pomocą cgMLST i SNP w porównaniu z genomami z międzynarodowych baz danych. Szczegółowa analiza za pomocą narzędzi bioinformatycznych przedstawiła charakterystykę serotypów, integronów kodujących VIM, rezystomy, wirulomy i replikony plazmidowe. Badania umożliwiły m.in. stwierdzenie, że izolaty KpSC były drugimi pod względem częstości występowania Enterobacterales VIM-pozytywnymi (23,1%) w Polsce w latach 2006-2019, po *Enterobacter* spp. (40,1%). Przeprowadzone dokładne analizy za pomocą różnych narzędzi bioinformatycznych z bardzo ciekawie przedstawioną wizualizacją graficzną, rozszerzyły obraz filogenetyczny występujących w Polsce KpSC, co jest bardzo ważne w ocenie profilu tych występujących w kraju bakterii.

Trzecia publikacja zawiera badania dotyczące krajowej ekspansji linii *Klebsiella oxytoca* ST145 produkującej karbapenemazy VIM-1 w Polsce w latach 2009 – 2019 [Biedrzycka M, Urbanowicz P, Żabicka D, Hryniewicz W, Gniadkowski M, Izdebski R (2023) Country-wide expansion of a VIM-1 carbapenemase-producing *Klebsiella oxytoca* ST145 lineage in Poland, 2009–2019. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 42 (12):1449–1457, DOI: 10.1007/s10096-023-04682-x4] – czasopismo w kategorii Q1 (for Infectious Diseases and Miscellaneous Medicine) i Q2 (Medical Microbiology), IF=3.2; punkty MNiSW=100.

Ważnym celem prezentowanych badań w tej publikacji było wyjaśnienie dotyczące roli jaką pełnią kompleksy gatunków *K. oxytoca* (KoSC) w epidemiologii Enterobacterales wytwarzających MBL typu VIM, które występują w Polsce. Badania objęły 106 izolatów KoSC z MBL typu VIM uzyskanych z 35 miejscowości (60 jednostek medycznych) w Polsce w latach 2009-2019, co umożliwiło szeroka analizę ich występowania na terenie naszego kraju.

Zostały przeprowadzone szczegółowe badania genomiczne wszystkich izolatów po przez sekwencjonowanie za pomocą Illumina MiSeq oraz wybrane izolaty MinION. Bioinformatyczna analiza wyników objęła taksonomię, klonalność, filogenezę i scharakteryzowała strukturę kluczowych determinantów oporności (ich loci chromosomowe i plazmidowe).

Przeprowadzone analiza MLST umożliwiła rozróżnienie 18 typów sekwencyjnych ST i najliczniej występującego – *K. oxytoca* ST145. Klon stanowił linię z integronem podobnym do In237, zidentyfikowany w 28 miastach w Polsce. Bardzo ciekawym efektem badań było stwierdzenie, że Integron znajduje się w regionie mozaiki chromosomowej wraz z wieloma innymi genami oporności, połączonymi z elementem podobnym do faga. Szczep mógł pochodzić z Grecji, natomiast w Polsce doszło do jego ewolucji obejmujących kilka delecji chromosomowych obejmujących naturalny gen β -laktamazy blaOXY. Badania innych izolatów różnych gatunków i klonów wskazywała na obecność integronu In916 zlokalizowanym na plazmidach typu IncA, które rozprzestrzeniają się we Włoszech, Francji i Polsce. Przeprowadzone badania izolatów w przedstawionej publikacji wskazały, że KoSC był jednym z głównych producentów VIM w Polsce, co było związane z klonalną ekspansją specyficznej linii podobnej do *K. oxytoca*-In237. Kluczowym bardzo ważnym wnioskiem jest stwierdzenie, że zwiększony potencjał epidemiczny tych izolatów może stwarzać zagrożenie na skalę międzynarodową.

Czwarta publikacja obejmuje badania dotyczące Enterobacterales wytwarzające karbapenemazy uzyskane od pacjentów przybywających z Ukrainy do Polski w okresie od marca 2022 – do lutego 2023 r. [Biedrzycka M, Izdebski R, Hryniewicz W, Gniadkowski M, Żabicka D. (2025) Carbapenemase-producing Enterobacterales from patients arriving from Ukraine in Poland, March 2022-February 2023. Infect Dis Ther. 14 (2):401-419, DOI: 10.1007/s40121-024 01097-9] – Q1, IF= 5.6; punkty MNiSW=100.

Podjęty temat publikacji stanowi bardzo ważny element badawczej oceny rozprzestrzeniania się w Polsce pałeczek Gram-ujemnych CPE, które pojawiają się w naszym kraju z powodu przybywających chorych z obszarów o wysokiej prevalencji Enterobacterales CPE. Szczególnie cenne są dokładnie przeprowadzone analizy genetyczne pałeczek CPE, które zostały wyizolowane w Polsce od przybywających do nas rannych osób w czasie wojny na Ukrainie. Praca obejmuje badania 65 izolatów CPE wykrytych w Polsce od marca 2022 do lutego 2023 roku w 36 polskich ośrodkach medycznych od 57 pacjentów z Ukrainy, o różnym profilu chorobowym. Szczegółowe badania izolatów oparte były na sekwencjonowaniu metodą MiSeq i MinION. Dla wszystkich CPE przeanalizowano taksonomię, klonalność i rezystomy. Wykorzystując różne narzędzia bioinformatyczne określono filogenezę, serotypy, wirulomy i plazmidy u *K. pneumoniae* i części izolatów dla *Escherichia coli* ST131. W badaniach stwierdzono różnorodność cech izolatów obejmujących sześć gatunków. Najliczniej

występowała *Klebsiella pneumoniae* (50 izolatów i 15 typów sekwencyjnych) produkującymi karbapenemazy podobne do NDM (-1/-5), OXA-48 (-48/-1242) lub KPC (-2/-3). I co jest ciekawe każda z sekwencji wiązała grupy luźno spokrewnionych izolatów, bliskich i/lub unikatowych, korelujące z serotypami K i karbapenemazami. Wiele z nich (ST395 i ST307) NDM-1 i/lub OXA-48, było spokrewnionych z rosyjskimi wariantami genetycznymi ST. Były również np.: ST11 NDM-1 powiązane z pałeczkami Gram-ujemnymi z Polski. U licznych izolatów *K. pneumoniae* stwierdzono specyficzne geny wirulencji, w tym aerobactin iuc (możliwiający wiązanie żelaza i potęgujący zjadliwość), dzięki rozprzestrzenianiu plazmidów pNDM-MAR, generujących oporność i wirulencję. Określono również dwa izolaty *E. coli* ST131, które należały do kładów B (również z KPC-3) lub C1 (z NDM-1). W innych krajach europejskich (Niemcy, Holandia) potwierdzono fakt rozprzestrzeniania się CPE pochodzących z Ukrainy. Przeprowadzone w publikacji badania są bardzo ważne ze względów epidemicznych. Są pierwszymi w Polsce analizami szczepów pochodzących z Ukrainy, a uzyskane informacje mogą być bardzo pomocne w prowadzeniu diagnostyki i terapii zakażeń u chorych przybywających do naszego kraju z obszarów objętych wojną na Ukrainie. Są także ważnymi i cennymi informacjami dla lekarzy ukraińskich prowadzących leczenie chorych na terenie swojego kraju. Niniejsza praca, wraz z podobnymi badaniami przeprowadzonymi w Niemczech i Holandii, udokumentowała szerokie rozpowszechnienie CPE na Ukrainie i wskazała na występowanie szeregu specyficznych linii genowych *K. pneumoniae* występujących w rejonach Europy Wschodniej.

Przedstawione przez mgr Martę Biedrzycką wnioski wynikające z przeprowadzonych badań zawartych w rozprawie, zawierają bardzo dobrze sformułowane, najważniejsze informacje wynikające z kompleksowo przeprowadzonych na wysokim poziomie analiz molekularnych i genomczo-informatycznych. Dobór puli reprezentatywnych izolatów KpSC i KoSC do badań, uzyskanych z różnych rejonów Polski, w różnych latach ich występowania oraz bardzo szczegółowa analiza przeniesionych do naszego kraju pałeczek CPE jest ważnym elementem badań, z których autorka sformułowała bardzo trafne, poparte rzetelną argumentacją wnioski. Zostały również podsumowane wyniki, które scharakteryzowały struktury klonalnych populacji badanych izolatów, filogenezę głównych genotypów epidemicznych z obecnymi genami karbapenemaz. Ciekawym podsumowaniem badań było wskazanie kontekstów genetycznych, profil genów AMR, kodujących oporność na leki przeciwdrobnoustrojowe oraz ważnych cech wirulencji a także analiz plazmidów

zawierających geny kodujące karbapenemazy i cechy hvKp odpowiadające za wysoką hiperwirulencję *K. pneumoniae*.

Wnioski rozprawy doktorskiej są szczególnie ważne i cenne ze względu na ich uzyskanie z bardzo dobrze wykonanych, dokładnie przemyślanych i zaplanowanych badań, które dotychczas nie były przeprowadzone w Polsce w takim zakresie. Zostały opracowane i zinterpretowane cechy genetyczne wprowadzanych do Polski lekoopornych pałeczek *K. pneumoniae*, co umożliwiło identyfikację powstałych regionalnych ognisk zakażeń oraz szczegółową charakterystykę krążących w naszym kraju wieloopornych wariantów genetycznych KpSC (*Klebsiella pneumoniae* species complex) i KoSC (*Klebsiella oxytoca* species complex). Uzyskane wyniki badań mają ogromne znaczenie jako źródło dla innych autorów badań porównawczych i stanowią podstawę do dalszej kontynuacji prac na ten temat i szczegółowych analiz molekularnych. Stanowią również ważny, nowy zestaw wprowadzonych danych naukowych do wciąż rozbudowującej się bazy informacji na temat klonów *K. pneumoniae*, które szczegółowo zostały przeanalizowane w rozprawie. Duże znaczenie mają też badania charakteryzujące klonalne rozprzestrzenianie się specyficznego genotypu *K. oxytoca* ST 145. Zastosowane metody badań w tak szerokim zakresie z już opracowanymi i zdefiniowanymi markerami molekularnymi, dały również możliwość ich wykorzystania do dalszych analiz. Cenne wnioski zostały także uzyskane z badań izolatów od ukraińskich chorych leczonych w Polsce. Zidentyfikowane zostały specyficzne hybrydowe linie plazmidów, które zawierają geny kodujące i determinaty MDR i HVKp.

W podsumowaniu stwierdzam, iż rozprawa doktorska mgr Marty Biedrzyckiej reprezentuje bardzo wysoki poziom naukowy i to w zakresie tła teoretycznego, co potwierdza świetne przygotowanie i szeroka wiedza doktorantki w prezentowanej tematyce oraz bardzo dobrze opanowany warsztat metodyczny z możliwością wykonania szerokiego spektrum nowoczesnych, wysokiej klasy, naukowych badań molekularnych, obejmujących szczegółowe analizy porównawcze. Potwierdzeniem jest wysoki poziom opracowania poszczególnych elementów rozprawy, łącznie z opublikowaniem wyników badań w renomowanych czasopismach naukowych o zasięgu międzynarodowym oraz znajomość metod analiz materiału genetycznego bakterii, interpretacji wyników i formułowania adekwatnych do nich prawidłowych wniosków. Należy podkreślić również wagę wykonanych badań, które mogą być wykorzystane w pilotowaniu sytuacji epidemicznej Enterobacterales KPC występujących w Polsce oraz umożliwiając podejmowanie działań ograniczających powstawanie ognisk

zakażeń w jednostkach medycznych w kraju, szczególnie z udziałem hiperwirulentnych, wieloopornych szczepów. Bardzo wysoko oceniam predyspozycje doktorantki do prowadzenia badań naukowych oraz dalszego rozwoju naukowego.

Stwierdzam, że przedłożona mi do recenzji rozprawa doktorska na stopień doktora nauk medycznych i nauk o zdrowiu w dyscyplinie nauki medyczne mgr Marty Biedrzyckiej pt. „Struktury klonalne populacji wytwarzających karbapenemazy szczepów *Klebsiella* spp. w Polsce: genotypy epidemiczne, ich filogeneza, mechanizmy lekooporności i czynniki zjadliwości” - spełnia warunki określone w art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2018 poz. 1668).

W związku z powyższym zwracam się do Wysokiej Rady Dyscypliny Nauk Medycznych Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego o dopuszczenie mgr Marty Biedrzyckiej do dalszych etapów przewodu doktorskiego.

Jednocześnie zgłaszam (zgodnie z uchwałą nr 238/2025 r. Rady Dyscypliny Nauk Medycznych WUM) o wyróżnienie rozprawy doktorskiej mgr Marty Biedrzyckiej.

Uzasadnienie:

Rozprawa doktorska spełnia wymagania dotyczące wyróżnienia – zawiera cykl czterech prac, w których mgr Marta Biedrzycka jest pierwszym autorem, opublikowanych w renomowanych międzynarodowych czasopismach naukowych - z pośród których dwie prace opublikowane są w czasopismach należących do kategorii Q1 oraz dwie pozostałe do kategorii – Q1 (for Infectious Diseases and Miscellaneous Medicine) i Q2 (Medical Microbiology).

Sumaryczna wartość wskaźników bibliometrycznych publikacji zawartych w rozprawie wynosi: 16.1 Impact Factor i 440 punktów MNiSW.

Składany przeze mnie wniosek o wyróżnienie rozprawy doktorskiej mgr Marty Biedrzyckiej jest podyktowany dużą wagą przeprowadzonych w szerokim zakresie, na bardzo wysokim poziomie badań naukowych, które zostały zaprezentowane w rozprawie. Praca ma bardzo duże znaczenie w poznaniu i scharakteryzowaniu występujących w Polsce wariantów genetycznych KpSC (*Klebsiella pneumoniae* species complex) i KoSC (*Klebsiella oxytoca* species complex) i innych pokrewnych gatunków, analiz transmisji, badań filogenetycznych, typowania molekularnego oraz bardzo szerokich, wielokierunkowych analiz genomicznych

i co jest niestety ważne - może przyczynić się do stworzenia lepszych mechanizmów nadzoru i eliminacji ognisk zakażeń w Polsce oraz działań profilaktycznych, prowadzenia szczegółowej diagnostyki molekularnej i właściwej terapii ograniczającej transmisję izolatów od chorych w Polsce oraz przybyłych z innych krajów.

Lublin 20.07.2026

Prof. dr hab. n. med. Alina M. Olender