

SYLWIA JĘDRZEJEWSKA*

**POCHODZENIE SŁOWIAN W ŚWIETLE ANALIZ GENETYCZNYCH
I GENOMICZNYCH. PODSTAWOWE INFORMACJE O METODACH
I PRZEGLĄD DOTYCHCZASOWYCH WYNIKÓW BADAŃ –
Z PUNKTU WIDZENIA ARCHEOLOGA¹**

THE ORIGIN OF SLAVS IN THE LIGHT OF GENETIC
AND GENOMIC ANALYSES.
BASIC INFORMATION ABOUT THE METHODS AND A REVIEW
OF THE RESEARCH RESULTS FROM AN ARCHAEOLOGIST'S
POINT OF VIEW

Abstract. Bearing in mind the interdisciplinary nature of the origin of Slavs, in the process of reviewing the issue in relation with archaeology, the debate and the results of research carried out by representatives of other areas of science must be taken into consideration. The goal of this article is a review of the published results of an analysis of fossil and contemporary genetic material, coupled with discussing interpretation thereof in relation with the issue at hand. The work presents a selection of surveys which, according to the author, provide representatives of humanities with insight into the latest state of research. The presentation is preceded by introductory information about the examined material and the analysis methods as well as the conditioning factors. A methodological challenge was faced in the form of connecting data provided by geneticists and the findings from other disciplines, including archaeology, as indicated in the final part of the article.

Keywords: Slavs, origin, DNA, state of research, interdisciplinary cooperation.

WSTĘP

Interdyscyplinarność zagadnienia, jakim jest pochodzenie Słowian, sprawia, że rozpatrując ten problem na gruncie archeologii, nie możemy ignorować debaty

* ORCID: 0000-0002-5509-4919, Institute of Archaeology, University of Rzeszów, ul. Moniuszki 10, 35-015 Rzeszów, sjeдрzejewska@ur.edu.pl.

¹ Niniejszy tekst oparto na fragmencie znajdującej się w przygotowaniu pracy na temat stanu badań archeologicznych nad problemem etnogenezy Słowian w Polsce i w krajach wschodniej Europy.

i wyników uzyskiwanych przez przedstawicieli pozostałych gałęzi nauki. Dzieje badań pokazują też, jak często wybrane argumenty historyczne, lingwistyczne czy antropologiczne przywoływane były na poparcie bądź uzupełnienie tez stawianych przez archeologów. Zapoczątkowany w latach 80. XX wieku rozwój badań nad pochodzącym ze szczątków organizmów kopalnym DNA (aDNA – *ancient deoxyribonucleic acid*) (zob. np. Witas 2007, s. 16-17; Matisoo-Smith i Horsburgh 2012, s. 14-20) i podjęta współpraca biologów molekularnych z przedstawicielami nauk historycznych, otworzyły przed tymi ostatnimi możliwości pozyskiwania danych wcześniej zupełnie niedostępnych drogą tradycyjnych metod. Sięgnięcie do analiz genetycznych na polu archeologii doprowadziło do pojawienia się pojęcia archeologii molekularnej (por. Witas 2007, s. 15; 2009; Słomski i in. 2008). Wpływ, jaki wywarły nowe metody badań aDNA na poszerzenie wiedzy o zagadnieniach rozpatrywanych przez archeologów, został uznany za jeden z elementów znamionujących trzecią rewolucję naukową w archeologii (po wykorzystaniu osiągnięć z dziedzin ewolucji biologicznej, geologicznej i kulturowej w 2. połowie XIX wieku oraz po wdrożeniu do archeologii metody datowania radiowęglowego dzięki rozwojowi fizyki jądrowej w połowie XX wieku) (Kristiansen 2014)².

Wśród wielu rozmaitych zastosowań badania sekwencji aDNA wskazuje się kwestię pochodzenia grup ludzkich i ich migracji. W związku z tym naturalne stało się pytanie o potencjał wykorzystania tego rodzaju analizy również w odniesieniu do problematyki pochodzenia ludności słowiańskiej, gdzie kluczowym wątkiem naukowego sporu jest „odwieczna” obecność przodków historycznych Słowian w środkowej Europie na północ od Karpat lub ich przybycie ze wschodu (różnie określanego) na krótko przed odnotowaniem we wczesnośredniowiecznych przekazach pisanych z VI wieku³. Ze względu na uwarunkowania, które zostaną omówione niżej, analiza genetyczna szczątków potencjalnych migrantów lub potencjalnych autochtonów z okresu budzącego najżywszą dyskusję (V-VII wiek) jest niemal niemożliwa. Ukazały się jednak prace (jeszcze nieliczne) prezentujące wyniki badań kopalnego DNA, które stały się podstawą do wnioskowania na temat genetycznej historii ludności zamieszkującej dorzecza Odry i Wisły w pierwszych wiekach naszej ery i jej związków z innymi populacjami kopalnymi lub współczesnymi. Przedmiotem badań w interesującym nas kontekście jest także DNA dzisiejszych mieszkańców Europy, stanowiący punkt odniesienia dla rekonstrukcji procesów, które zaszły w przeszłości. Większość sformułowanych dotychczas hipotez i twierdzeń na temat biologicznych dziejów Słowian oparto właśnie na jego analizie.

² Zob. też jeden z głównych tematów kongresu zorganizowanego przez European Association of Archaeologists w 2017 roku w Maastricht, <http://www.eaa2017maastricht.nl/theme4> (dostęp: 30.05. 2020).

³ Odzwierciedleniem tego konfliktu jest istnienie koncepcji autochtonistycznej i allochtonistycznej. Dyskusja archeologów nad tym złożonym zagadnieniem ma ponad stuletnią historię, której omówienie wykracza poza zakres niniejszego artykułu. Zob. na ten temat np.: Kaczanowski i Parczewski 2005 (red.); Urbańczyk 2006 (red.); Jędrzejewska 2016; Curta 2021; w tych pracach starsza literatura.

Celem artykułu jest przegląd ogłoszonych dotąd wyników analiz kopalnego i współczesnego materiału genetycznego oraz omówienie ich interpretacji w odniesieniu do zagadnienia pochodzenia Słowian. Przedstawiono wybór opracowań zawierających – zdaniem autorki – najistotniejsze ustalenia i dających przedstawicielom nauk humanistycznych wgląd w aktualny stan badań. Prezentację tę poprzedzono wprowadzającymi informacjami o badanym materiale i metodach analizy, a także warunkujących ją czynnikach. Zamierzeniem autorki nie jest wykraczający poza kompetencje archeologa i stanowiący obszar działań specjalistów szczegółowy rozbiór i ocena metod badawczych stosowanych przez genetyków. Zarysowanie możliwości i osiągnięć innych nauk w zakresie problemów podnoszonych również w archeologii wydaje się natomiast uzasadnione i przydatne dla uzyskania szerszego obrazu badanego zagadnienia.

Należy zaakcentować, że niewątpliwym wyzwaniem od strony metodologicznej jest łączenie danych otrzymanych przez genetyków z ustaleniami archeologii i innych dyscyplin współpracujących. Stwierdzenie, że nie istnieje ścisły i stały związek między językiem, kulturą a genami jest truizmem. Fakt ten potwierdzają liczne przykłady z dalszej i bliższej historii, jak również obraz współczesnych społeczeństw. Specjaliści zajmujący się analizą DNA podkreślają zgodnie, że otrzymywane dane poszerzają wiedzę o biologicznej historii populacji⁴. Określona struktura genomu nie może być przyporządkowana wyłącznie jednej grupie etnicznej, nie informuje nas o języku ani poczuciu tożsamości badanych osób. Interpretacja danych biologicznych w odniesieniu do problemu pochodzenia grup ludzkich i migracji wymaga podejścia interdyscyplinarnego, uwzględniającego również kontekst historyczny i archeologiczny, czego wyrazem są choćby założenia metodyczne archeogenomiki łączącej osiągnięcia nauk biologicznych i humanistycznych (np. Matisoo-Smith i Horsburgh 2012, s. 172; Stolarek i Figlerowicz 2016, s. 7-8).

OGÓLNA CHARAKTERYSTYKA METOD BADAWCZYCH

Szczegółową wiedzę o budowie i funkcjach DNA oraz technikach jego badania zawiera literatura specjalistyczna. W przystępnym ujęciu dla archeologów zagadnienia te omówiły Elizabeth Matisoo-Smith i K. Ann Horsburgh (2012, s. 21 i n.; zob. też odpowiednie fragmenty np. w: Słomski 2008 [red.], a także: Handschuh i in. 2016a, s. 277-284; Stolarek i Figlerowicz 2016, s. 8-11; w tych pracach star-

⁴ Zob. np. wypowiedź prof. M. Figlerowicza: „kiedy mówimy o historii, musimy pamiętać, że w przypadku badań genomicznych myślimy głównie o tej biologicznej. Nasze badania nie wniosą nowych decydujących informacji do historii kulturowej. [...] takie badania wydają się mieć sens jedynie wówczas, jeżeli są interdyscyplinarne. Musimy patrzeć zarówno na to, jaka historia zapisana jest w genomach, jak i na wiedzę historyczną i archeologiczną. Dopiero ich połączenie może nam dać jakieś sensowne odpowiedzi na liczne pytania, które się obecnie pojawiają” (Figlerowicz 2016, s. 23-24).

sza literatura). Z uwagi na terminologię używaną w dalszej części artykułu wskazane jest jednak przedstawienie przynajmniej podstawowych informacji na ten temat.

Każda komórka ludzkiego organizmu zawiera informację genetyczną o nim, czyli genom, ulokowany w jądrze komórkowym i mitochondriach. DNA jądrowy (nDNA) jest uporządkowany i „spakowany” w postaci 23 par chromosomów (w tym 22 par autosomów i jednej pary chromosomów płci oznaczanych jako XX u kobiet i XY u mężczyzn). DNA mitochondrialny (mtDNA) ma z kolei postać kolistej cząsteczki. W komórce występuje tylko jedna kopia genomu jądrowego oraz wiele kopii mtDNA (ze względu na liczbę mitochondriów w komórce – od kilkuset do kilku tysięcy – i obecność około 10 kopii mtDNA w każdym). Co istotne, mtDNA dziedziczony jest tylko w linii matczynej, a nDNA pochodzi od obojga rodziców (po jednym z każdej pary chromosomów) – z tym że chromosom Y przekazywany jest jedynie w linii ojcowskiej. DNA ma postać podwójnej prawoskrętnej helisy, której nici zbudowane są z nukleotydów tworzonych przez jedną z zasad azotowych (adeninę, tyminę, cytozynę lub guaninę), cukier deoksyrybozę i resztę fosforanową. Zasady z naprzeciwległych nici łączą się wiązaniami wodorowymi, zachowując regułę, że adenina tworzy parę z tyminą, a cytozyna z guaniną. Na modelach ukazujących cząsteczkę DNA poszczególne nukleotydy różniące się zasadami oznaczane są pochodzącymi od nich skrótami (A, T, C, G). Na genom jądrowy składają się ponad trzy miliardy par zasad, a na mitochondrialny około 16,5 tysiąca. Określone odcinki DNA kodujące białka to geny, a ich warianty nazywane są allelami.

Wszyscy ludzie posiadają niemal identyczny DNA (w ponad 99%). Nieduże różnice, które istnieją, decydują o unikatowości genomu każdego człowieka, a także umożliwiają śledzenie pokrewieństwa i poszukiwanie wspólnych przodków. Podobieństwo sekwencji nukleotydów w DNA jest tym większe, im bliżej jesteśmy ze sobą spokrewnieni. Różnice są efektem mutacji, czyli swego rodzaju błędów, które mogą zachodzić między innymi podczas replikacji DNA w procesie podziału komórkowego. Powodują one zmiany w sekwencji nukleotydów, których przykład stanowią markery określane jako polimorfizm pojedynczego nukleotydu (SNP – *single nucleotide polymorphism*) czy krótkie sekwencje repetytywne (STR – *short tandem repeats*). Te pierwsze występują wówczas, gdy w danej pozycji genomu pojawia się inny nukleotyd (np. zamiast CATCATCAT mamy CATCCTCAT). STRy, określane jako markery mikrosatelitarne, powstają wówczas, gdy podczas replikacji DNA powtórzone zostaną jego krótkie sekwencje, co bywa w przerośni nazywane „jąkaniem” (np. zamiast CATCATCAT mamy CATATATATCAT – przykłady za Matisoo-Smith i Horsburgh 2012, s. 31). Pewne części genomu cechują się dużą liczbą takich markerów i są przedmiotem szczególnego zainteresowania badaczy, na przykład tzw. regiony hiperzmienne (HVR – *hypervariable region*), choć postęp technologiczny coraz częściej pozwala na analizę całych genomów. Mutacje zachodzą w różnym tempie w chromosomach i mtDNA (w tym ostatnim najszybciej).

Te powstałe w komórkach zarodkowych przekazywane są kolejnym pokoleniom. Śledzenie nowych mutacji pozwala na rekonstrukcję następstwa zdarzeń ewolucyjnych.

Pojęciami powszechnie używanymi w dyskusji o pochodzeniu i pokrewieństwie są haplotypy i haplogrupy (kłady). Haplotyp to zestaw powiązanych genów lub mutacji, które są wspólnie dziedziczone. Osoby o takiej samej sekwencji określonego fragmentu DNA cechują się tym samym haplotypem i należą do jednej linii genetycznej. Wraz z pojawieniem się nowej mutacji powstaje nowy haplotyp. Zbiór podobnych haplotypów dzielących wspólnego przodka tworzy haplogrupę. Haplogrupy oznaczone zostały dużymi literami alfabetu. Głównym gałęziom na drzewie mtDNA nadano symbole L, M, N i R – rozgałęziają się one na kolejne grupy. Kłady Y-DNA opisano od A do T. Liczby i małe litery dodawane do tych oznaczeń odnoszą się do wyróżnianych podgrup/subkładałów (np. R1a, H4, B4a1a1a). W przypadku Y-DNA stosowane jest też nazewnictwo uwzględniające ostatnie mutacje definiujące haplogrupy, np. R-M207, R1-M18. Częstość haplogrup u populacji w różnych regionach świata nie jest taka sama, np. haplogrupa H mtDNA popularna jest w Europie, A i B Y-DNA występują tylko w Afryce, a haplogrupa R1a Y-DNA jest częsta w Eurazji. Ustalenie haplogrupy danego człowieka pozwala mniej lub bardziej pewnie określić, skąd pochodzi. Śledzenie rozprzestrzeniania się haplogrup stanowi podstawę do rekonstrukcji kierunków migracji.

W rozważaniach o pochodzeniu Słowian szczególnie często przywoływana jest wspomniana haplogrupa R1a (opisywana też jako R1a-M420)⁵. Szacuje się, że do jej wyodrębnienia doszło około 25-30 tysięcy lat temu, prawdopodobnie na terenach dzisiejszego Iranu i wschodniej Turcji. Współcześnie jej wysoką frekwencję obserwuje się na obszarze Eurazji, w tym przewagę we wschodniej Europie nad haplogrupą R1b (R1b-M343), dominującą na terenach zachodnioeuropejskich. Z publikowanych danych wynika, że wspólnego przodka w haplogrupie R1a-M420 ma ponad 10% mężczyzn z terytorium rozciągającego się od południowej Azji po Skandynawię. Około 5800 lat temu miała pojawić się jedna z późniejszych gałęzi haplogrupy R1a-M420 określana jako R1a1a1 lub R1a-M417. Ustalono, iż należące do niej podkłady wyraźnie dzielą się na te, które dominują w Europie lub Azji, a kolejne podgrupy w tej strukturze można na podstawie częstości występowania przypisać do mniejszych regionów geograficznych. Z punktu widzenia problematyki pochodzenia Słowian uwagę zwracają podkłady R1a-M458 i M558 występujące współcześnie z największą częstotliwością w środkowej i wschodniej Europie, a z nieco mniejszą – w populacjach bałkańskich (Underhill i in. 2010; 2015, ryc. 1, 2).

⁵ Na marginesie należy zwrócić uwagę na częste w literaturze pseudonaukowej bezpodstawne traktowanie haplogrupy R1a jako swego rodzaju „etykiety etnicznej” i próby wykorzystywania wiedzy o jej wieku i zasięgu do budowania narracji o odległej historii i potędze Słowian.

Niezależnie od rozwoju technik badawczych i upowszechniania się analiz całych genomów, obecnie nadal kluczowe znaczenie dla rozważań o pochodzeniu grup ludzkich mają mtDNA i Y-DNA. Geny autosomalne dziedziczone od obojga rodziców ulegają w populacji wymieszaniu i choć mogą dostarczyć ciekawych informacji, nie umożliwiają prześledzenia wędrówki i mutacji genów w liniach męskich i żeńskich. W dodatku porównanie wyników badań genomów mitochondrialnych i chromosomu Y pokazuje niekiedy różne wzorce migracji kobiet i mężczyzn w obrębie testowanej populacji (por. Paczuski 2009, s. 143; Matisoo-Smith i Horsburgh 2012, s. 109). Na poziomie mtDNA (dziedziczonego w linii żeńskiej) nie uwidocznia się też na przykład zmiany w puli genowej będące wynikiem militarnych najazdów mężczyzn. Z drugiej strony zbieżność zarówno sekwencji mtDNA, jak i Y-DNA populacji z dwóch porównywanych regionów może dowodzić, że w procesie migracji brały udział także kobiety (np. Vai i in. 2019, s. 654). Podobna zmienność genetyczna cechująca populacje danego obszaru w różnych okresach sugeruje ciągłość zasiedlenia przez ludność o tej samej strukturze genetycznej. Wyraźna różnica może wskazywać na wymianę mieszkańców (Figlerowicz 2016, s. 24).

Badanie aDNA, pozyskiwanego między innymi w trakcie wykopalisk archeologicznych, wiąże się z utrudnieniami wynikającymi z jego degradacji i zanieczyszczenia (kontaminacji) obcym materiałem genetycznym. Po śmierci organizmu DNA ulega stopniowej degradacji (fragmentacji i modyfikacjom chemicznym), która zależy nie tylko od czasu, jaki upłynął, ale także od warunków, w jakich znajdowały się szczątki (temperatury, wilgotności, dostępu tlenu, pH gleby, działalności mikroorganizmów). Specjaliści wskazują, że im niższa temperatura, tym mniejszy stopień uszkodzenia DNA w odkrywanych reliktach (np. w wiecznej zmarzlinie). Zdegradowany DNA jest pofragmentowany i o możliwości jego namnożenia (amplifikacji) oraz analizy decyduje długość zachowanych odcinków. Zanieczyszczenie próbki aDNA najczęściej następuje wskutek obecności w pobranym materiale różnego rodzaju mikroorganizmów (np. bakterii i grzybów glebowych). Próbki narażone są także na kontaminację współczesnym DNA zarówno podczas ich pobierania, jak i analizy. Pociąga to za sobą konieczność przestrzegania restrykcyjnych procedur na poszczególnych etapach kontaktu z próbką. Badacze stosują określone metody do oddzielenia aDNA człowieka od zanieczyszczeń i do weryfikacji jakości pobranego materiału. Niekiedy jednak wysoki stopień degradacji lub zanieczyszczenia uniemożliwia uzyskanie wiarygodnych wyników. Do analizy w przypadku zarówno szczątków ludzkich, jak i zwierzęcych najlepiej nadają się zęby oraz fragmenty kości długich, a także część skalista kości skroniowej człowieka (wystarczającą ilością jest około 1 g odpowiednio wyselekcjonowanego materiału). Szczególną zaletą preparatu DNA pochodzącego z zębów jest często mniejszy stopień zanieczyszczenia dzięki ochronie, jaką szkliwo stanowi dla miążgi. Łatwiejszy do pozyskania w odpowiednio dużych ilościach ze względu na większą liczbę kopii znajdujących się w komórce jest mtDNA. Właściwościami

decydującymi o jego przydatności do badań nad historią populacji, oprócz wspomnianego sposobu dziedziczenia, są mniejsza liczba par zasad niż w genomie jądrowym (co jednocześnie jednak uniemożliwia badanie zdarzeń z bardzo odległej przeszłości) i szybkie tempo mutacji pozwalające na uchwycenie zmian, które zaszły stosunkowo niedawno (o metodach pozyskiwania i specyfice badań kopalnego DNA zob. np. Gajewska i Bogdanowicz 2006; Witas 2007, s. 17-24; Wielgus i in. 2008; Paczuski 2009, s. 141-142; Juras 2012, s. 24-42; Matisoo-Smith i Horsburgh 2012, s. 59-79; Handschuh i in. 2016a, s. 284 i n.).

BADANIA KOPALNEGO DNA A ZAGADNIENIE POCHODZENIA SŁOWIAN

Dotychczas przeprowadzono nieliczne badania aDNA pod kątem problemu pochodzenia Słowian, a dokładnie, podejmujące próbę odpowiedzi na pytanie o ciągłość/nieciągłość genetyczną (i osadniczą) ludności zamieszkującej obszar na północ od Karpat i Sudetów, począwszy od okresu rzymskiego. Baza źródłowa (materiał biologiczny) do takiej analizy jest ograniczona, co wynika z faktu, że w okresie kluczowym dla tego zagadnienia na szerokim terytorium środkowo-wschodnioeuropejskim praktykowano kremację – dominującą w pierwszych wiekach naszej ery i jako wyłączny obrządek pogrzebowy Słowian na początku wczesnego średniowiecza (do czasu pojawienia się inhumacji na niektórych terenach Słowiańszczyzny w IX wieku). Pochówki szkieletowe ze stanowisk kultury przeworskiej są rzadkie, a wykorzystywane w analizach szkielety osób pochowanych na cmentarzyskach kultury wielbarskiej i czerniachowskiej dostarczają danych tylko o tych przedstawicielach ludności praktykującej birytualny obrządek pogrzebowy, wobec których z jakiegoś powodu zastosowano inhumację. Co równie ważne, w pierwszych stuleciach wczesnego średniowiecza obok obszarów ze znanymi pojedynczymi grobami lub cmentarzyskami ciałałpalnymi przypisywanymi ludności słowiańskiej występują strefy pozbawione uchwytanych metodami archeologicznymi śladów rytuału pogrzebowego – skutkuje to brakiem jakichkolwiek szczątków kostnych do analizy. Inhumacja wśród Słowian, choć potwierdzona lokalnie wcześniej, zaczyna w rzeczywistości dominować dopiero od XI wieku (np. Zoll-Adamikowa 1975; 1979, ryc. 56-59; 1995; Baran 1990 [red.], s. 226-231, 275-279; Fusek 1994, s. 136-143; Dulinicz 2001, s. 199-205; Magomedov 2001, s. 25-43; Kuna i Profantová 2005, s. 73-84; Cygan, Glinianowicz i Kotowicz 2011 [red.]; Hanuliak 2014; Cieśliński 2016, s. 232-237; Kontny 2016, s. 188-199; Moździoch 2016, s. 158-161; w tych pracach starsza literatura). W konsekwencji do dyspozycji badaczy pozostają źródła ograniczone, zróżnicowane liczbowo, których stopień reprezentatywności dla określonych wspólnot kulturowych należy traktować z ostrożnością.

W literaturze można znaleźć informacje o stosunkowo nielicznych próbach analizy DNA ze szczątków ciałałpalnych. Douglas H. Ubelaker przytacza dane o wyizo-

lowaniu aDNA ze spalonych kości z datowanego na wczesną epokę brązu stanowiska Bedd Branwen na wyspie Anglesey (Walia) czy o wynikach badań eksperymentalnych, które dowiodły możliwości izolowania jądrowego DNA z miążgi zębów poddanych działaniu temperatury do 300°C (Ubelaker 2009, s. 3-4, tam literatura). Określenie korelacji między stopniem przepalenia kości a prawdopodobieństwem uzyskania autentycznego DNA oraz przeprowadzenia analizy stabilnych izotopów było przedmiotem badań Giseli Grupe i współpracowników (Harbeck i in. 2011). Krótkie fragmenty mtDNA uzyskano z próbek piszczeleli współczesnego bydła spalanych maksymalnie w temperaturze 600°C. W jednym przypadku udało się to w odniesieniu do kości umieszczonych w temperaturze 700°C, jednak czas spalania był krótszy. W związku z tym badacze zasugerowali, że czynnikiem decydującym o zachowaniu się materiału genetycznego może być nie tylko wysokość temperatury, ale również długość ekspozycji na nią. Stwierdzono, że z uwagi na zmiany zachodzące w strukturze kości wraz ze wzrostem temperatury jest szansa na wyizolowanie namnażalnych fragmentów DNA – choć nie w każdym przypadku – tylko z niezupełnie skremowanych szczątków, które cechują się barwą od brązowej przez czarną, czarno-brązową po czarno-szarą⁶. Kości mocno przepalone w temperaturze powyżej 600°C, o białej czy biało-różowej barwie, nie pozwalają na wyizolowanie DNA. Autorzy pracy wskazują też na konieczność oceny stanu zachowania materiału osteologicznego za pomocą badań histologicznych przed podjęciem próby izolowania DNA (Harbeck i in. 2011, s. 193-195, 197-198, tab. 1, tam starsza literatura).

Pierwsze analizy kopalnego DNA (niespalonych zmarłych), odnoszące się konkretnie do tematu pochodzenia Słowian, wykonała Anna Juras. Jako ich cel badaczka określiła oznaczenie zróżnicowania mtDNA u przedstawicieli ludności z okresu rzymskiego i średniowiecza z obecnych ziem polskich, następnie przeprowadzenie analizy porównawczej i na jej bazie podjęcie próby odpowiedzi na pytanie o istnienie ciągłości genetycznej (na poziomie mtDNA) między populacjami obydwu epok. Jej zamierzeniem było także rozpatrzenie kwestii możliwej kontynuacji niektórych linii matczynych do czasów współczesnych (Juras 2012)⁷.

⁶ Zob. też uwagi prof. Wiesława Bogdanowicza podczas debaty „Starożytna historia Europy Środkowej” 10 listopada 2019 r. w Warszawie, <https://www.youtube.com/watch?v=ZAW1Ec2eyi0>, 3:13:44 (dostęp: 16.11.2019).

⁷ Autorka przedstawiła też skrótowo stan badań nad pochodzeniem Słowian w ramach innych dyscyplin (Juras 2012, s. 8-20). Na marginesie należy odnotować liczne nieścisłości, które znalazły się w części dotyczącej archeologii, np. zaprezentowany na rycinie rzekomy obszar wyjściowy ekspansji słowiańskiej w ujęciu allochtonistów (zwolenników hipotezy o przywędrowaniu Słowian do środkowej Europy na początku VI wieku), błędne informacje o datowaniu kultury kijowskiej, o ukształtowaniu się kultury kijowskiej na bazie kultury czerniachowskiej, o występowaniu stanowisk kultury pieńkowskiej nad Prypecią, o lokalizacji kultury praskiej tylko w środkowej Europie czy niepełny i zniekształcony obraz poglądów zarówno autochtonistów (badaczy opowiadających się za obecnością przodków historycznych Słowian w dorzeczu Odry i Wisły już w starożytności), jak i allochtonistów (Juras, s. 9-14, ryc. 2).

Wyjściowy materiał do badań pochodził od 72 osobników z północno-zachodniej Polski. Ostatecznie przynależność haplogrupową udało się ustalić dla 43 osób: 19 przedstawicieli kultury wielbarskiej (stan. Rogowo 23, pow. toruński, i Kowalewko 12, pow. obornicki), czterech kultury przeworskiej (stan. Gąski 18 i Karczyn 21/22, pow. inowrocławski) oraz 20 z okresu średniowiecza (ze stan. Cedynia 2 i 2a, pow. gryfiński, Dziekanowice 2 i 22, Ostrów Lednicki, pow. gnieźnieński). Chronologia stanowisk z okresu rzymskiego mieściła się w przedziale od II wieku p.n.e. do V wieku n.e., natomiast stanowisk średniowiecznych między X a XIV wiekiem. Materiał porównawczy stanowiły opublikowane dane o populacjach kopalnych z okresu rzymskiego (I-III wiek n.e.) i średniowiecza (X-XV wiek) z Danii, o populacji kultury ceramiki wstęgowej rytej (VI tysiąclecie p.n.e.) z Niemiec, jak również o współczesnych populacjach słowiańskich i kilku z nimi sąsiadujących (Juras 2012, s. 54-59, tab. 2, 3, 12).

Jednym z efektów analizy były dane dotyczące odległości genetycznej pomiędzy wszystkimi uwzględnionymi populacjami (badanymi i porównawczymi). Na uzyskanym obrazie skalowania wielowymiarowego zaobserwowano, iż – poza kilkoma wyjątkami (współczesna populacja z Finlandii i Łotwy oraz neolityczna z Niemiec) – populacje europejskie cechują się niewielkim „rozwarstwieniem struktury genetycznej”. W tej „stosunkowo homogennej grupie znalazła się także populacja ze średniowiecza i nieco bardziej od niej oddalona populacja z okresu rzymskiego” (Juras 2012, s. 96). Oprócz tego, że dystans dzielił badanych przedstawicieli kultury przeworskiej i wielbarskiej od ludności średniowiecznej, wskazano też na znaczące zróżnicowanie genetyczne między tymi dwiema populacjami kopalnymi a współczesną populacją Polski. Interpretując przytoczone wyniki, Juras oceniła, że z jednej strony mogą one odzwierciedlać faktyczne zróżnicowanie genetyczne, z drugiej – mogła na nich zaważyć mała liczebność próbek uwzględnionych populacji kopalnych. Autorka skłoniła się ku drugiemu wyjaśnieniu. Odnotowała ponadto, że populacja z okresu rzymskiego, bardziej niż średniowieczna, oddala się od współczesnych populacji słowiańskich. W komentarzu badaczka zwróciła uwagę na możliwy wpływ na ten rezultat losowości próby. Przywołała też fakt wystąpienia na jednym ze stanowisk wysokiej frekwencji konkretnego haplotypu, co pozwala dopuścić hipotezę o pokrewieństwie pochodzących stamtąd osobników. W takiej sytuacji ostateczny wynik badania również byłby zakłócony. Odnosząc się do znaczącej (większej niż w przypadku kopalnych populacji z Polski) odległości genetycznej populacji neolitycznej z Niemiec do współczesnych populacji europejskich, badaczka jako przyczynę podała większą odległość czasową między nimi (Juras 2012, s. 98-100, ryc. 15).

Przeprowadzona przez Juras analiza haplotypów wykazała natomiast, iż żaden z nich nie wystąpił zarówno w populacji „rzymskiej”, jak i średniowiecznej z Polski. Mogłoby to oznaczać brak ciągłości genetycznej między nimi. W tym wypadku także przywołana została przez autorkę mała liczebność zbadanego materiału jako czynnik potencjalnie oddziałujący na otrzymany obraz. Badaczka stwierdziła

bowiem, że największą liczbę wspólnych haplotypów osobnicy z okresu rzymskiego dzielili ze współczesnymi mieszkańcami Polski – a to przemawia za ciągłością niektórych linii genetycznych od epoki rzymskiej po czasy obecne. Statystycznie istotna liczba wspólnych haplotypów wystąpiła między populacją „rzymską” z Polski a współczesnymi populacjami Litwy, Łotwy, Szwecji, Finlandii i Estonii. Juras zinterpretowała to jako przesłankę przemawiającą za bliskimi kontaktami badanej populacji kopalnej z ludnością germańską, bałtycką i ugrofińską. Odnosnie do populacji średniowiecznej z Polski zaobserwowała, iż była ona bardziej zróżnicowana od grup „rzymskich” pod względem haplogrup mtDNA, a największą liczbę haplotypów dzieliła ze współczesną ludnością Białorusi, Ukrainy i Bułgarii. Autorka badań oceniła ten wynik jako niejednoznaczny. W jej opinii może on sugerować zarówno migrację ludności średniowiecznej z dorzeczy Odry i Wisły na wschód, jak i wędrówkę w odwrotnym kierunku – zwłaszcza wobec stwierdzonego dużego dystansu genetycznego między populacją „rzymską” i średniowieczną z Polski. Do tej drugiej możliwości, wspierającej allochtonistyczną (z punktu widzenia badaczy polskich) hipotezę na temat pochodzenia Słowian, badaczka odniosła się sceptycznie. Jako argument przeciw niej podała przytoczone wyżej ustalenia na temat potencjalnej ciągłości pewnych linii genetycznych na współczesnych ziemiach polskich przynajmniej od okresu rzymskiego. Omawiając haplotypy unikatowe, Juras zwróciła szczególną uwagę na jeden z nich, który wystąpił u przedstawiciela kultury przeworskiej. Ze względu na ewolucyjny wiek haplotypu, łączony z czasem funkcjonowania kultury ceramiki sznurowej, zasugerowała ciągłość danej linii genetycznej od neolitu (Juras 2012, 102-108; por. też Juras i in. 2014).

W podsumowaniu swojej dysertacji doktorskiej badaczka wyraziła pogląd o braku podstaw – ze względu na mało liczne dane – do formułowania rozstrzygających wniosków na temat etnogenezy Słowian na bazie materiału genetycznego. Pośrednio przychyliła się jednak do koncepcji autochtonistycznej, stwierdzając, iż otrzymane wyniki nie przeczą istnieniu ciągłości genetycznej między okresem rzymskim a średniowieczem na terenie współczesnych ziem polskich (Juras 2012, s. 109).

W problematykę poruszaną w niniejszym artykule wpisał się jeden z celów badawczych projektu „Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych”⁸, czyli „pochodzenie populacji zamieszkującej region pomiędzy Odrą a Wisłą w okresie formowania się państwa Piastów – weryfikacja hipotez dotyczących kontynuacji/dyskontynuacji osadnictwa na tych terenach w okresie od czasów rzymskich do XII wieku” (Handsuh i in. 2016b, s. 311). Jako przedmiot zainteresowania pod

⁸ Projekt nr 2014/12/W/NZ2/00466 z programu Symfonia 2 finansowany przez Narodowe Centrum Nauki, realizowany przez Poznańskie Centrum Archeogenomiki pod kierunkiem prof. dr. hab. Marka Figlerowicza. Zob. informacje w: Handsuh i in. 2016b; 2016c; por. też np. Figlerowicz 2016; <https://www.ncn.gov.pl/finansowanie-nauki/przyklady-projektow/figlerowicz> (dostęp: 1.06.2020).

kątem ciągłości osadniczej wskazano przede wszystkim obszar Wielkopolski (Handschuh i in. 2016b, s. 314-315, 317-318).

Jedne z pierwszych opublikowanych rezultatów badań prowadzonych w ramach projektu dotyczą mtDNA przedstawicieli kultury wielbarskiej pochowanych na wspomnianym już cmentarzysku w Kowalewku (dla 33 osobników uzyskano sekwencje kompletnych genomów mitochondrialnych, a dla 40 zidentyfikowano haplogrupy mtDNA). Ich duże zróżnicowanie genetyczne pokazuje według badaczy, iż społeczność, w skład której wchodziła, nie była izolowana, a jej genetyczne korzenie sięgają różnych europejskich populacji (ponad połowę haplotypów ustalonych dla szczątków z Kowalewka odnotowano w próbkach z późnego neolitu i wczesnej epoki brązu – u ludności kultur ceramiki sznurowej, pucharów dzwonowatych i unietyckiej z zachodniej i środkowej Europy). Zestawienie frekwencji haplogrup i dystansu genetycznego z innymi grupami pradziejowymi wskazało natomiast na największe podobieństwo zbadanych reprezentantów kultury wielbarskiej do porównawczej populacji jutlandzkiej z epoki żelaza, znacznie słabiej jednak związanej ze wspomnianą ludnością późnoneolityczną i wczesnobrązową. Taka sytuacja może mieć, zdaniem autorów badań, związek z ujawnioną różną historią genetyczną kobiet i mężczyzn z Kowalewka. Pod względem frekwencji haplogrup mtDNA i dystansu genetycznego kobiety były bliżej spokrewnione z populacjami wczesno- i środkowoneolitycznymi, a mężczyźni z przedstawicielami kultur ceramiki sznurowej i unietyckiej oraz z przywołaną populacją jutlandzką (Stolarek i in. 2018).

Analizom poddano również mtDNA z zębów 27 osób pochowanych na cmentarzysku w Masłomęczu, pow. hrubieszowski (grupa masłomecka, II/III-IV wiek n.e.). Dla wszystkich ustalono haplogrupy i poznano sekwencje całych genomów mitochondrialnych. Podobnie jak w przypadku Kowalewka, badanych cechowało wysokie zróżnicowanie wewnątrzpopulacyjne (nawet wyższe niż na stanowisku z Wielkopolski), świadczące według badaczy o nieizolowaniu grupy i rozmaitych liniach genetycznych jej członków. Analiza porównawcza z innymi populacjami pradziejowymi pokazała największe podobieństwo do ludności z Kowalewka, a także dużą zbieżność ze środkowoeuropejskimi populacjami z przełomu epoki brązu i żelaza. Nie wykryto analogicznych do Kowalewka różnic w historii genetycznej kobiet i mężczyzn. Wśród zestawionych populacji z epoki żelaza najmniejszy dystans genetyczny dzielił pochowanych w Masłomęczu od przywoływanej populacji wielkopolskiej, a także wspomianej wyżej populacji jutlandzkiej (odległość od tej ostatniej była nawet mniejsza niż jutlandzkiej od zmarłych z Kowalewka). Cechą odróżniającą natomiast grupę masłomecką od tych dwóch okazała się bliskość ze stepowcami znanymi z Morza Czarnego i Kaspijskiego, przejawiająca się obecnością haplogrupy U5a charakterystycznej dla przedstawicieli kultury grobów jamowych (przełom neolitu i epoki brązu). Według badaczy wystąpienie tej haplogrupy w Masłomęczu można wytłumaczyć migracją, która nastąpiła ze wschodu na zachód w epoce żelaza. Odnosząc się do ustaleń historycznych i archeologicznych, autorzy badań zwrócili uwagę, iż otrzymane przez nich wyniki są

spójne z hipotezą o przemieszczaniu się ludności gockiej (wiązanej z kulturą wielbarską i grupą masłomęcką) z południowej Skandynawii przez współczesne ziemie polskie w kierunku terenów nadczarnomorskich. Część ludności po wejściu w kontakty z mieszkańcami południowo-wschodniej Europy miałaby zdaniem autorów artykułu powrócić na północ, tworząc specyficzne ugrupowanie kulturowe w Kotlinie Hrubieszowskiej. Zaakcentowano przy tym ponownie, że dane genetyczne świadczą, iż przedstawiciele grupy masłomęckiej stanowili mieszkankę ludności o różnym pochodzeniu (Stolarek i in. 2019).

Co do genezy grupy masłomęckiej, należy w tym miejscu podkreślić, że zgodnie z rezultatami wieloletnich badań archeologicznych jej powstanie było efektem przybycia do Kotliny Hrubieszowskiej przedstawicieli kultury wielbarskiej na przełomie II i III wieku. Szczegółowa analiza zabytków pozwoliła na wskazanie jako terenu wyjściowego tej migracji północnej części tzw. strefy C zasięgu osadnictwa „wielbarskiego”, obejmującej środkowe Pomorze z Krajną i północną Wielkopolską. W świetle źródeł archeologicznych po zajęciu nowych ziem mieszkańcy Kotliny Hrubieszowskiej utrzymywali zarówno relacje z terenami kultury wielbarskiej, z których przybyli (i z tzw. strefą A położoną w delcie Wisły, na Ziemi Chełmińskiej oraz w pasie wybrzeża Zatoki Gdańskiej do Półwyspu Helskiego), jak i dalekosiężne kontakty z obszarami zajętymi podczas ekspansji przedstawicieli tej kultury na południowy wschód. Charakter znalezisk ze stanowisk grupy masłomęckiej pozwolił na sformułowanie wniosku, iż stanowiła ona swego rodzaju tygiel kulturowy, pośrednicząc w kontaktach między kulturą wielbarską a zaliczaną do kręgu kultur gockich, młodszą od niej kulturą czerniachowską i jej wariantem Sîntana de Mureș, które rozciągały się na szerokim terytorium lasostepu i stepu w obrębie dzisiejszych granic politycznych Ukrainy, Mołdawii i Rumunii. Szczególnie wymownym dowodem na wieloetniczność ludności grupy masłomęckiej jest ustalone na podstawie analizy materiałów archeologicznych pojawienie się w tej społeczności kobiet sarmackich, co odniesiono do wydarzeń historycznych rozgrywających się w 2. połowie III wieku m.in. na terenach nadczarnomorskich (por. Kokowski 1995, s. 35-55, 65; 1999, s. 23-25; 2007, s. 97 i n.; tam starsza literatura).

BADANIA DNA WSPÓŁCZESNYCH POPULACJI EUROPEJSKICH W KONTEKŚCIE PROBLEMU POCHODZENIA SŁOWIAN

Zdecydowana większość wyników badań opublikowanych dotychczas przez międzynarodowe zespoły i stanowiących przyczynek do dyskusji o genetycznej historii Słowian dotyczy DNA dzisiejszych mieszkańców Europy. Wysłunięto argumenty na rzecz sytuowania początku „słowiańskich linii rozwojowych” zarówno w środkowej, jak i we wschodniej Europie. Należy zaznaczyć, iż istnieją czynniki pozwalające podawać w wątpliwość przydatność badania genomów współcześnie żyjących ludzi do rekonstrukcji historii biologicznej populacji pradziejowych czy

średniowiecznych, jak na przykład wskazywana w literaturze korelacja aktualnego rozmieszczenia geograficznego populacji i dystansów genetycznych między nimi (np. Novembre i in. 2008, Fig. 1 – zestawienie obrazu odległości genetycznych między badanymi osobnikami pokrywające się z dzisiejszą mapą polityczną Europy). Warto również pamiętać, że różny stopień wiarygodności mają interpretacje rezultatów analiz niewielkich fragmentów DNA i sekwencji kompletnych genomów.

Dwie dekady temu badania zróżnicowania mtDNA, które zostały przeprowadzone dla trzech współczesnych populacji słowiańskich i dziewięciu „grup etnogeograficznych” z obszaru Eurazji, dały ich autorom przesłanki do wnioskowania o wspólnym pochodzeniu Słowian południowych, wschodnich i zachodnich oraz centralnej pozycji wśród nich tych ostatnich (Malyarchuk 2001). Pod kątem problemu etnogenezy Słowian wschodnich analizom poddano ponadto mtDNA pobrane od współczesnych Rosjan i Ukraińców. Nie wykazano istotnych różnic między nimi a pozostałymi Europejczykami, cechującymi się niewielkimi odległościami genetycznymi. Jednocześnie analiza filogenetyczna miała ujawnić znaczną heterogeniczność populacji wschodniosłowiańskich. Pod względem występowania rzadkich haplotypów ustalono natomiast, iż Rosjanie dzielą je głównie z ludnością germańską i ugrofińską. Rezultaty te skłoniły badaczy do założenia, że we wczesnym średniowieczu Słowianie migrujący na wschód ze swej domniemanej środkowoeuropejskiej kolebki nieśli głównie te same typy mtDNA, co charakterystyczne dla przedśłowiańskiej populacji wschodniej Europy (Malyarchuk i Derenko 2001).

Przeprowadzono też badania skupiające się na zróżnicowaniu mitochondrialnych genomów reprezentujących haplogrupy H5 i H6, pochodzących od współczesnych Słowian wschodnich i zachodnich. Wiek ewolucyjny pierwszej z haplogrup oszacowano na około 11,5-16 tysięcy lat, drugiej na około 15-28 tysięcy lat. W obrębie nich wydzielono podklady, które wydają się typowe zwłaszcza dla środkowej i wschodniej Europy, a część z nich mogła uformować się około czterech tysięcy lat temu. W opinii badaczy ciągłość tych matczyńskich linii genetycznych może wskazywać na to, iż jacyś przodkowie Polaków, Ukraińców, Rosjan, Czechów i Słowaków zamieszkiwali ziemie środkowej i wschodniej Europy już w epoce brązu i we wczesnej epoce żelaza. Taki wniosek skłonił ich do odrzucenia koncepcji o zasiedleniu obszarów środkowej Europy przez Słowian dopiero na początku wczesnego średniowiecza (Mielnik-Sikorska i in. 2013).

W kontekście dyskusji o dziejach Słowian przywoływane były w literaturze wyniki analizy polimorfizmu haplotypów chromosomu Y populacji z Polski, Słowacji i Białorusi oraz 20 innych słowiańskich i dziewięciu niesłowiańskich populacji porównawczych. Nie odnotowano korelacji między zróżnicowaniem językowym, geograficznym i historycznym Słowian a dystrybucją haplotypów Y-STR. Jednocześnie stwierdzono istnienie różnic pomiędzy dwiema grupami tworzonymi z jednej strony przez Słowian zachodnich, wschodnich i dwie populacje Słowian południowych (Słoweńców i zachodnich Chorwatów), a z drugiej przez pozostałe

populacje południowosłowiańskie. Porównanie haplotypów minimalnych (9 loci) pozwoliło wnioskować o homogenności północnej grupy Słowian na terenach od Alp po Powołże. W obrębie niej niektóre populacje uznano za nierozróżnialne genetycznie (Słowacja, środkowa i południowa Białoruś). Centralną pozycję przypisano populacji z obszaru Ukrainy. Analiza rozkładu jednego z haplotypów stała się podstawą do przyjęcia założenia o ekspansji Słowian z terenów Ukrainy i być może białoruskiego Polesia, a także wystąpienia wśród populacji zachodniosłowiańskich tzw. efektu założyciela, wynikającego z dryfu genetycznego, „czyli powstania populacji ze stosunkowo niewielkiej liczby osobników, których zmienność genetyczna jest jedynie fragmentem zmienności populacji macierzystej” (Rębała 2006, s. 98). W przypadku populacji słowackiej uzyskano nieco inny obraz, sugerujący możliwość wystąpienia dwóch fal migracji, z których jedna mogła w nieznacznym zakresie objąć współczesne ziemie polskie. Podkreślono brak śladów w pulach genowych Słowian południowych i wschodnich istotnego udziału populacji słowiańskich zamieszkujących tereny obecnej Polski. Zaobserwowano ponadto znaczące różnice w rozkładzie haplotypów między analizowanymi populacjami ze środkowej i północnej Białorusi. W tej drugiej grupie wystąpiła duża frekwencja haplogrupy N3 charakterystycznej dla ludności bałtyckiej i ugrofińskiej, a także notowanej często w niektórych populacjach rosyjskich (np. z okolic Pskowa) (Rębała 2006; Rębała i in. 2007).

Przedmiotem badań były także STRy chromosomu Y współczesnych mieszkańców Czech, Słowacji i północnej Polski. Stwierdzono istotne rozbieżności między populacjami z Czech (nieuwzględnionymi w cytowanej wyżej pracy Rębały i współpracowników) i Słowacji a pozostałymi porównawczymi populacjami słowiańskimi (m.in. z Polski), co miałyby świadczyć o istnieniu podziału między północnymi i południowymi gałęziami Słowian zachodnich. Jednocześnie Czesi i Słowacy mieli różnić się znacząco także między sobą. Przywołano też wyniki prac innego zespołu naukowców, dotyczące poliformizmu Y-SNP i wskazujące na znaczące różnice między populacjami z Polski i Czech. W populacji czeskiej częstość występowania haplogrup chromosomu Y zajmowała pośrednią pozycję między Polakami a Niemcami z uwagi na mniejszą frekwencję charakterystycznej dla środkowej Europy (i częściej wśród Słowian) haplogrupy R1a, a częstszą obecność haplogrupy R1b powszechnej wśród populacji zachodnioeuropejskich (Woźniak i in. 2010, s. 544-545, tam starsza literatura). Wyrażono pogląd, że przytoczone wyniki badań nawiązują do stawianych na gruncie nauk historycznych hipotez o dwóch drogach – usytuowanych na północ i południe od Karpat – rozprzestrzeniania się na zachód kultury słowiańskiej. Zetknięcie się i potencjalne wymieszanie Słowian z ludnością germańską na południowym szlaku wędrówki na zachód mogło skutkować obserwowaną odmiennością puli genowej, a jednocześnie występującymi współcześnie podobieństwami między populacjami Czech, Słowacji i Niemiec. Stosunkowo duża odległość między populacjami germańskimi a „protopolskimi” wraz ze „strefą buforową” Połabian może natomiast tłumaczyć współ-

czesne stosunkowo niskie podobieństwo haplotypów Y-STR między Niemcami i Polakami. Wskazano, iż aby mogło dojść do powstania opisanego w pracy zróżnicowania haplotypów Y-STR, ekspansja słowiańska w przeważającym stopniu musiała opierać się na faktycznych przemieszczeniach ludnościowych, a nie tylko na rozpowszechnianiu się wzorców kulturowych. Jednocześnie, aby takie zróżnicowanie mogło przetrwać do czasów współczesnych, należałoby założyć istnienie jakichś granic genetycznych między populacjami Czech, Słowacji, Polski i Niemiec. W tym kontekście odwołano się do wyników innych badań, wskazujących na istnienie takich barier między Polakami i Czechami oraz Polakami i Niemcami. Ich charakter pozostaje jednak niejasny, zwłaszcza wobec wiedzy historycznej na temat licznych zmian przynależności państwowej rozpatrywanych ziem (Woźniak i in. 2010, s. 546, tam starsza literatura).

BADANIA DNA WSPÓŁCZESNYCH POPULACJI EUROPEJSKICH POŚREDNIO ZWIĄZANE Z ZAGADNIENIEM POCHODZENIA SŁOWIAN

Ciekawe wnioski odnoszące się do historii genetycznej mieszkańców Europy w ciągu ostatnich trzech tysięcy lat zaprezentowali Peter Ralph i Graham Coop. Wykorzystali oni dane o DNA ponad dwóch tysięcy współczesnych Europejczyków, by prześledzić ich pokrewieństwo przy zastosowaniu metod matematycznych i na podstawie analizy odcinków genomów określanymi jako IBD (*identical by descent*) (Ralph i Coop 2013). Są to fragmenty DNA wspólne dla pary osobników, odziedziczone od wspólnego przodka. Ich długość jest tym mniejsza, im dawniej żył wspólny przodek. Badania pokazały duże podobieństwo i bliskość wszystkich Europejczyków. Ujawniły też logiczną prawidłowość, że stopień pokrewieństwa zależy od dystansu geograficznego (wzrasta dla populacji mieszkających bliżej siebie). Dowiedziono jednak, że nawet dwaj mieszkańcy Europy, oddaleni o tysiące kilometrów, mogą cechować się długimi, identycznymi odcinkami genomów, a liczba ich genetycznych wspólnych przodków sprzed tysiąca lat może być duża. Odnotowano również pewne wyjątki od reguły (spowodowane najpewniej migracjami), iż największą liczbę IBD posiadają członkowie tej samej społeczności. Analizy Ralpa i Coopa pokazały także interesujące zjawiska regionalne, jak wyróżniający się na tle innych grup wysoki poziom IBD dzielonych przez porównywane pary osobników ze wschodniej Europy, nawet z oddalonych od siebie jej części⁹. Odniesiono to do sytuacji, gdy osoby o wysokim stopniu pokrewieństwa wywodzą się ze stosunkowo małej populacji, która ekspandowała na duże terytorium. W przypadku populacji wschodnioeuropejskich oszacowano, że ten wzrost bliskości gene-

⁹ Na potrzeby projektu badane populacje podzielono na grupy regionalne, oznaczone jako Europa „E” (tereny na wschód od Niemiec i Austrii), „W” (na zachód od Niemiec i Austrii), „N” na północ od Polski i Niemiec, „I” (Półwysep Iberyjski i Apeniński) oraz „T-C” (Turcja i Cypr) – Ralph i Coop 2013, s. 5.

tycznej nastąpił w pierwszym tysiącleciu naszej ery, co zestawiono z danymi historycznymi o ekspansji huńskiej i słowiańskiej. Podkreślono, że wschodnie populacje z wysokim poziomem IBD odpowiadają współczesnemu rozmieszczeniu języków słowiańskich (Ralph i Coop 2013, s. 9-11).

W kontekście tych ostatnich ustaleń na uwagę zasługują wyniki badań zespołu pod kierownictwem Olega Balanowskiego, dotyczące różnorodnych markerów mtDNA, Y-DNA oraz pełnych genomów u współczesnych mieszkańców Europy posługujących się językami słowiańskimi i bałtyckimi. Jednym z elementów analizy było porównanie występowania całych segmentów genów o wspólnym pochodzeniu w populacjach słowiańskich (między łączną grupą Słowian wschodnich i zachodnich a południowych) oraz między nimi a sąsiednią ludnością niesłowiańską. Wśród Słowian stwierdzono przepływy genów na poziomie świadczącym o ich wspólnym pochodzeniu. Jednocześnie bliższe pokrewieństwo niż ze Słowianami południowymi grupa Słowian wschodnich i zachodnich wykazała w stosunku do mieszkańców północno-wschodniej Europy. Słowiańskojęzyczni mieszkańcy Bałkanów cechowali się ponadto podobnym poziomem wspólnych IBD ze wschodnimi i zachodnimi Słowianami, jak też z ludnością Węgier czy Rumunii, a znacząco niższym z Grekami. Badania przywołanego zespołu naukowców pokazały bliskość genetyczną zachodnich i wschodnich Słowian na terytorium rozciągającym się od Odry po Wołgę. Frekwencja niektórych haplotypów mtDNA należących do haplogrup H5, H6 i U4a dała podstawy do podtrzymania wysuwanych już wcześniej twierdzeń o podobnym zróżnicowaniu genetycznym i ciągłości pewnych linii matczynych na ziemiach dzisiejszej Polski w ciągu ostatnich dwóch tysiącleci. Jednocześnie badania Y-DNA i DNA autosomalnego wykazały heterogeniczność puli genowej południowych Słowian na obszarze Bałkanów, gdzie podczas ekspansji doszło do wchłonięcia komponentów genetycznych miejscowej ludności. Opisuując strukturę genetyczną współczesnej ludności słowiańskojęzycznej z uwzględnieniem Y-DNA oraz autosomów, zwrócono uwagę na homogenność Słowian wschodnich zamieszkujących środkową i południową Rosję, Ukrainę oraz Białoruś, przy odmienności populacji wschodniosłowiańskiej z północnej Rosji, wykazującej związki z fińskojęzycznymi sąsiadami. Większe zróżnicowanie odnotowano w przypadku zachodnich Słowian, wśród których ujawniły się wpływy populacji sąsiadujących (np. bliskość genetyczna Czechów i do pewnego stopnia Słowaków z Niemcami, a mniejszy dystans Polaków do Białorusinów, Ukraińców oraz Rosjan z południowej i środkowej części kraju niż do Niemców). Stwierdzono ponadto wewnętrzną dyferencjację Słowian południowych, skorelowaną z zajmowaniem przez nich zachodnich i wschodnich terenów Półwyspu Bałkańskiego (Kushniarevich i in. 2015).

Autorzy pracy wyciągnęli wniosek, że zróżnicowanie genetyczne współczesnych grup Słowian jest efektem uformowania się – jak określono – *in situ*, czyli na terenach przez nich zajętych. Jego charakter pozwala według nich wyróżnić dwa substraty: środkowo-wschodnioeuropejski dla Słowian wschodnich i zachodnich oraz południowo-wschodnioeuropejski dla Słowian południowych. Cechą pierwsze-

go z nich jest wysoka frekwencja haplogrupy Y-DNA R1a, a w drugim przypadku haplogrup I2a oraz E. Dodatkowo ludność bałtycka i słowiańska zostały przedstawione na tle sześciu skupisk (oznaczonych od k1 do k6), wyróżnionych na podstawie składu puli genowej i przypisanych do określonych regionów świata. Okazało się, że omawiane populacje cechuje przynależność przede wszystkim do dwóch klastrow: k3 – powszechnego w Europie, o frekwencji zmniejszającej się geograficznie z północnego wschodu w kierunku południowym (najwyższej u Bałtów, wysokiej u wschodnich Słowian i wyraźnie niższej u Słowian południowych), oraz k2 – sięgającego po Bliski Wschód, Kaukaz i Afrykę, a w Europie posiadającego najwyższą frekwencję nad Morzem Śródziemnym, spadającą w kierunku północnym (niższą u Słowian zachodnich i wschodnich niż u południowych oraz jeszcze niższą u Bałtów). Dla populacji bałtyckich, wschodniosłowiańskich z północnej Rosji i w mniejszym stopniu dla innych wschodnich oraz zachodnich Słowian zaznaczyła się obecność komponentów genetycznych skupiska k5 typowego dla Syberii. W odniesieniu do wspomnianych wyżej substratów środkowo-wschodnioeuropejskiego i południowo-wschodnioeuropejskiego wskazano skupisko k3 jako charakterystyczne dla pierwszego, a k2 dla drugiego z nich (Kushniarevich i in. 2015, s. 6-7, ryc. 3).

Do problemu dziejów Słowian odnoszone są ponadto wyniki analiz mtDNA prowadzone na różnych regionalnych populacjach ze środkowej i wschodniej Europy, dające często dość ogólne wnioski, na przykład o występowaniu wśród nich haplogrup powszechnych na obszarze Europy czy zachodniej Eurazji, a także o kontaktach z populacjami sąsiadującymi lub napływowymi (por. np. Malyarchuk i in. 2002; 2006; Grzybowski i in. 2007). W nawiązaniu do poruszanej tu problematyki warto również odnotować pogląd o zasadności opierania badań nad historią dawnych społeczeństw zamieszkujących dorzecza Odry i Wisły raczej na danych odnoszących się do rekonstruowanej populacji sprzed II wojny światowej niż do populacji współczesnej (Rębała i in. 2013). W opracowaniach specjalistycznych sygnalizowana jest bowiem duża jednolitość obecnej populacji Polski pod względem polimorfizmu chromosomu Y, a także istnienie wyraźnej granicy genetycznej – odpowiadającej granicy politycznej – między nią a populacją Niemiec. Zjawisko to bywa tłumaczone jako efekt masowych przesiedleń ludności, jakie miały miejsce w czasie i po II wojnie światowej (Rębała i in. 2013, s. 415, tam starsza literatura). Przedmiotem zainteresowania badaczy jest w związku z tym charakterystyka populacji przedwojennej pod kątem częstości występowania i dystrybucji haplotypów chromosomu Y oraz jej porównanie ze współczesnym obrazem puli genowej, przynoszące jak dotąd rozmaite konkluzje (zob. np. Rębała i in. 2013; Woźniak i in. 2007 oraz komentarz w: Rębała i in. 2013, s. 417; Woźniak i in. 2010).

PODSUMOWANIE

Sformułowane dotychczas hipotezy lub wnioski na temat biologicznej historii ludności słowiańskiej oparto na nielicznych jeszcze analizach DNA izolowanego ze szczątków kopalnych oraz na wynikach częściowej prowadzonych badań z wykorzystaniem materiału genetycznego współczesnych mieszkańców Europy (przede wszystkim mtDNA). Mimo ciągłego gromadzenia danych, na obecnym etapie nie można jeszcze mówić o wypracowaniu przez genetyków wspólnej wizji procesów, które doprowadziły do uformowania się współczesnej puli genetycznej Słowian.

Badania osób pochowanych na obecnych ziemiach polskich (w Wielkopolsce) w okresie rzymskim i oddzielonych od nich nawet ponadtysiącletnią luką czasową przedstawicieli społeczeństwa z młodszych faz wczesnego i późnego średniowiecza w zestawieniu z danymi porównawczymi przyniosły niejednoznaczne wyniki. Z jednej strony pokazały potencjalną ciągłość niektórych maczynych linii genetycznych od pierwszych wieków naszej ery po czasy obecne, z drugiej – ukazały znaczne zróżnicowanie genetyczne pomiędzy obiema badanymi populacjami kopalnymi, jak też między nimi a współczesnymi mieszkańcami Polski. Według Juras otrzymane przez nią wyniki analizy nie przeczą hipotezie o ciągłości genetycznej na dzisiejszych ziemiach polskich między okresem rzymskim a średniowieczem. Jednocześnie nie wykluczają migracji między Podnieprzem a dorzeczem Odry i Wisły. Najnowsze badania (M. Figlerowicz i zespołu) dowiodły natomiast, że ludność z pierwszych wieków naszej ery, zamieszkująca tereny współczesnej Polski, nie tworzyła zamkniętych społeczności, a ponadto posiadała wspólną historię biologiczną z różnorodnymi populacjami europejskimi z neolitu, epoki brązu i epoki żelaza. Analiza genetyczna dostarczyła też przesłanek wspierających pogląd o wędrowności, jakie miały miejsce między środkową Europą a terenami nadczarnomorskimi w okresie rzymskim oraz wskazała na mieszane pochodzenie ludności tworzącej w Kotlinie Hrubieszowskiej wyróżnianą przez archeologów grupę masłomęcką.

Prace dotyczące współczesnego mtDNA przyniosły takie konkluzje, jak: wspólne pochodzenie ludności słowiańskiej z centralną pozycją zachodnich Słowian, podobieństwo genetyczne Słowian do pozostałych Europejczyków, związki Słowian z północno-wschodnią Europą z Bałtami i Ugrofinami, ciągłość niektórych maczynych linii genetycznych przemawiająca za obecnością biologicznych przodków historycznych Słowian na terenie środkowej Europy już w epoce brązu i wczesnej epoce żelaza (B. Malyarchuk, T. Grzybowski i współpracownicy). Badania nad chromosomem Y pozwoliły natomiast na sformułowanie wniosków: o homogenności północnej grupy Słowian na terenach od Alp po Powołże z centralną pozycją populacji ukraińskiej, o ekspansji Słowian z terenów współczesnej Ukrainy i białoruskiego Polesia, o wystąpieniu wśród Słowian zachodnich tzw. efektu założyciela wynikającego z dryfu genetycznego czy o związkach populacji z północnej Białorusi z ludnością bałtycką i ugrofińską (K. Rębała i współpracownicy). Stwierdzono też istnienie różnic w strukturze genetycznej między północnymi i południo-

wymi gałęziami zachodnich Słowian, co odniesiono do hipotez przedstawicieli nauk historycznych o dwóch kierunkach szerzenia się na zachód kultury słowiańskiej (M. Woźniak i współpracownicy). W kontekście badań wykorzystujących częstość IBD wśród współczesnych Europejczyków uwagę zwraca bliskość genetyczna mieszkańców wschodniej Europy, zwłaszcza posługujących się językami słowiańskimi, oraz szacunki wskazujące na początek tego zjawiska w I tysiącleciu n.e. (P. Ralph, G. Coop). Analizy mtDNA, Y-DNA i całych genomów potwierdzają: wspólne pochodzenie wszystkich Słowian, podobieństwo genetyczne Słowian wschodnich i zachodnich do Bałtów, inne warunki kształtowania się puli genowej ludności słowiańskiej z Bałkanów oraz wpływy genów niesłowiańskich sąsiadów na określone populacje słowiańskie (O. Balanowski i zespół).

Odnosząc się z pozycji archeologa do przedstawionych wyżej ustaleń genetyków i próbując ocenić perspektywy dalszych badań, można sformułować kilka ogólnych spostrzeżeń.

Dużą rolę w ustaleniu zmienności genetycznej populacji danego obszaru w różnych okresach – sugerującej albo ciągłość zasiedlenia, albo (w przypadku wyraźnej różnicy) wymianę/napływ nowej ludności – wydaje się odgrywać liczebność prób aDNA oraz ich dobór uwzględniający reprezentatywność dla rozpatrywanych społeczności. Niewielka liczba zbadanych osobników lub pojedyncze próby pobrane tylko z jednego cmentarzyska czy mikroregionu osadniczego mogą nie oddawać rzeczywistego obrazu struktury genetycznej mieszkańców całego rozważanego terytorium. Należy mieć też na uwadze, że pewne wzorce zachowań kulturowych (jak na przykład rodzaj obrządku pogrzebowego) mogą odzwierciedlać zróżnicowanie struktury społecznej nie tylko pod kątem wierzeń, statusu, roli, ale też pochodzenia. Niezależnie od niekiedy skrajnie krytycznych głosów dotyczących łączenia cech widocznych w źródłach archeologicznych z przynależnością etniczną, warto podkreślić, że i taka interpretacja może być uzasadniona.

Problematyczny dla formułowania jednoznacznych wniosków jest również długi przedział czasowy, z którego pochodzą stosunkowo nieliczne dane – tak jak w wypadku zestawionych wyników analizy aDNA z Wielkopolski z epoki rzymskiej i młodszych faz średniowiecza. Oprócz świadomości, że dla każdego z okresów mamy do czynienia z niewielkim wycinkiem rzeczywistego zróżnicowania genetycznego ludności, musimy brać pod uwagę, że spora luka chronologiczna dodatkowo pozbawia nas możliwości dokonania wiarygodnego porównania między nimi. Nie bez znaczenia jest również rodzaj analizowanego materiału genetycznego. Twierdzenia oparte jedynie na analizie łatwiej i częściej dostępnego mtDNA (dziedziczonego od matki) mogą być niepewne i niepełne, zwłaszcza wobec wiedzy historycznej o roli i losach kobiet w dawnych społeczeństwach. Jednocześnie, jak pokazały badania genomów mitochondrialnych z Kowalewka, również na tej bazie możliwe są niezwykle ciekawe rezultaty, jak wykrycie odmiennych historii genetycznych kobiet i mężczyzn. Stąd kryterium płci także zdaje się ważnym czynnikiem w doborze i analizie materiału genetycznego. Stwierdzenie, że mieszkańcy

dorzeczy Odry i Wisły w pierwszych wiekach naszej ery nie byli „genetycznym monolitem”, a ich historia biologiczna kształtowała się poprzez wymianę genów o szerokim zasięgu geograficznym, począwszy od neolitu, jest cenną konstatacją. Podobnie wartościowym efektem badań genetycznych było potwierdzenie wniosków sformułowanych już wcześniej przez archeologów, iż wyraźne w materiałach archeologicznych związki grupy masłomęckiej z innymi obszarami kulturowymi nie są jedynie wyrazem „wędrowania myśli i idei”, ale i ludzi. Obserwacje poczynione dotychczas w odniesieniu do epoki żelaza uprawniają, by zakładać, iż podobny przepływ genów miał miejsce w dorzeczach Odry i Wisły również w kolejnych stuleciach, dla których nie dysponujemy, mogącym to potwierdzić, zbadanym materiałem biologicznym.

Chcąc wdrożyć postulowane obecnie metody interdyscyplinarnych badań nad pochodzeniem i potencjalnymi przemieszczaniami ludności (zob. np. Geary 2019, s. 49 i n.), by również przy użyciu analizy DNA zweryfikować sformułowaną na gruncie nauk humanistycznych hipotezę o migracji na zachód i południe, jaka miała rozpocząć się w V-VI wieku z obszaru Podnieprza, w najbardziej pożądanym wariacie należałoby poddać analizie porównawczej odpowiednio liczny, dobrany pod kątem lokalizacji i chronologii materiał kopalny. Optymalne byłoby porównanie uzyskanych wyników z danymi dotyczącymi współczesnych i niewspółczesnych mu populacji z terenów sąsiadujących, z uwzględnieniem kontekstu historycznego i kulturowego. Taki scenariusz wykluczają jednak wymienione wcześniej czynniki obiektywne – kremacja zmarłych skutkująca zniszczeniem materiału genetycznego, stojąca pod znakiem zapytania reprezentatywność pochówków szkieletowych dla populacji z okresu rzymskiego, brak lub mała liczba, w dodatku ciałopalnych, pochówków łączonych z osadnikami słowiańskimi z początku wczesnego średnio-wieczna. Te podstawowe przeszkody już na wstępie czynią też niedostępnymi podejmowane przy okazji badań nad migracjami i pochodzeniem próby szukania korelacji między strukturą genetyczną populacji a jej praktykami kulturowymi.

Odnośnie do wykorzystywania DNA współczesnych Europejczyków w badaniach nad pochodzeniem i migracjami dawnych społeczeństw warto przytoczyć wyrażane w literaturze wątpliwości co do traktowania dzisiejszej puli genetycznej różnych populacji jako prostego odzwierciedlenia przeszłości: „[...] studying modern DNA is studying the ‘winners’. It does not allow us to see the diversity that might have existed in the past and might have been extremely significant, but that was lost in the course of time. [...] Clearly, much of what made past populations unique is lost when analyzing modern DNA” (Geary 2019, s. 47). Część twierzeń na temat genetycznej historii Słowian wysuniętych na bazie analizy współczesnego DNA ma dość ogólny charakter i raczej nie zaskakuje w zestawieniu z dotychczasową wiedzą historyczną, archeologiczną i językoznawczą, jak na przykład podobieństwo Słowian do innych Europejczyków, wspólne pochodzenie Słowian wschodnich, zachodnich i południowych czy związki genetyczne części populacji z sąsiadami. Dyskusję może budzić pytanie, o czym właściwie świadczą przetrwa-

nie do dziś na obszarze środkowej Europy niektórych matczynej linii genetycznych od okresu rzymskiego lub nawet epoki brązu – oprócz nasuwającej się konkluzji, że na przestrzeni dziejów obszar ten nie został w dosłownym znaczeniu wyludniony. W jakim stopniu jednak taki fakt daje podstawę do wnioskowania o zróżnicowaniu genetycznym mieszkańców tego terytorium w konkretnych okresach w przeszłości? Uwagę musi zwracać też zasadnicza różnica w rekonstruowaniu biologicznej historii Słowian w zależności od oparcia się na analizie współczesnego mtDNA lub Y-DNA.

Choć dyskusja o współpracy archeologów z innymi specjalistami nie jest niczym nowym, to problemy metodyczne związane z połączeniem nie tylko danych archeologicznych, historycznych, językowych, genetycznych, ale też fizykochemicznych stały się ważnym i omawianym z różnych perspektyw zagadnieniem¹⁰, wymagającym głębszego rozpatrzenia również w kontekście problemu pochodzenia Słowian. Wykracza to jednak poza główny cel niniejszego artykułu.

BIBLIOGRAFIA

- Baran V.D. (red.) 1990, *Slavâne Ūgo-Vostočnoj Evropy v predgosudarstvennyj period*, Kiev, Naukova dumka. Баран В.Д. (ред.) 1990, *Славяне Юго-Восточной Европы в предгосударственный период*, Киев, Наукова думка.
- Brather-Walter S. (red.) 2019, *Archaeology, history and biosciences. Interdisciplinary perspectives*, Berlin–Boston, Walter de Gruyter (Ergänzungsbände zum Reallexikon der Germanischen Altertumskunde 107).
- Cieśliński A. 2016, *The society of Wielbark culture, AD 1-300*, w: A. Rzeszotarska-Nowakiewicz (red.), *The past societies. Polish lands from the first evidence of human presence to the Early Middle Ages, 4: 500 BC – 500 AD*, Warszawa, Instytut Archeologii i Etnologii Polskiej Akademii Nauk, s. 217-255.
- Curta F. 2021, *Slavs in the Making History, Linguistics, and Archaeology in Eastern Europe (ca. 500 – ca. 700)*, London–New York, Routledge Taylor & Francis Group.
- Cygan S., Glinianowicz M., Kotowicz P. (red.) 2011, „*In silvis, campis... et urbe*”. *Średniowieczny obrządek pogrzebowy na pograniczu polsko-ruskim*, Rzeszów–Sanok, Mitel (Collectio Archaeologica Ressoviensis 14).
- Dulinicz M. 2001, *Kształtowanie się Słowiańszczyzny Północno-Zachodniej. Studium archeologiczne*, Warszawa, Instytut Archeologii i Etnologii Polskiej Akademii Nauk.
- Figlerowicz M. 2016, *Tajemnice w zębach skryte*, „Academia” 2/46, Emocje, s. 22-26.
- Fusek G. 1994, *Slovensko vo časnoslovanskom období*, Nitra, Archeologický Ústav Slovenskej Akadémie Vied (Archaeologica Slovaca Monographiae. Studia Instituti Archaeologici Nitriensis Academiae Scientiarum Slovacaev 3).
- Gajewska M., Bogdanowicz W. 2006, *Kopalny DNA czyli lekcja z przeszłości*, „Kosmos” 55, s. 117-128.
- Geary P. 2019, *The use of ancient DNA to analyze population movements between Pannonia and Italy in the sixth century*, w: *Le migrazioni nell’Alto Medioevo: Spoleto, 5-11 aprile 2018*, Spoleto, Fondazione Centro italiano di studi sull’alto Medioevo, s. 45-62 (Atti delle settimane di studio 66).

¹⁰ Por. np. zawartość tomów: *The genetic challenge to medieval history and archaeology* (Pohl i Gingrich 2016 [red.]), *Archaeology, history and biosciences. Interdisciplinary perspectives* (Brather-Walter 2019 [red.]) czy czasopisma „Current Swedish Archaeology” (t. 27, 2019), a także program sekcji „Archaeogenetics, the real meaning: towards synergies between genetics and archaeology” na kongresie EAA w 2020 r., https://www.e-a-a.org/EAA2020virtual/Programme_tabs/Scientific_Programme.aspx (dostęp: 31.08.2020).

- Grzybowski T., Malyarchuk B.A., Derenko M.V., Perkova M.A., Bednarek J., Woźniak M. 2007, *Complex interactions of the Eastern and Western Slavic populations with other European groups as revealed by mitochondrial DNA analysis*, „Forensic Science International: Genetic” 1/2, s. 141-147.
- Handschuh L., Marcinkowska-Swojak M., Philips A., Stolarek I., Kozłowski P., Figlerowicz M. 2016a, *Pozyskiwanie i analiza kopalnego DNA*, w: H. Kóčka-Krenz, M. Matla, M. Danielewski (red.), *Tradycje i nowoczesność. Początki państwa polskiego na tle środkowoeuropejskim w badaniach interdyscyplinarnych*, Poznań, Wydawnictwo Naukowe Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, s. 277-292 (Seria Historia 230).
- Handschuh L., Matla M., Juras A., Legocki A., Kozłowski P., Dobosz J., Jasiński T., Piontek J., Kóčka-Krenz H., Figlerowicz M. 2016b, *Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych – podstawowe założenia i cele projektu realizowanego przez Poznańskie Centrum Archeogenomiki*, w: H. Kóčka-Krenz, M. Matla, M. Danielewski (red.), *Tradycje i nowoczesność. Początki państwa polskiego na tle środkowoeuropejskim w badaniach interdyscyplinarnych*, Poznań, Wydawnictwo Naukowe Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, s. 309-321 (Seria Historia 230).
- Handschuh L., Stolarek I., Juras A., Zeńczak M., Marcinkowska-Swojak M., Mysza A., Trzciniński D., Losik-Sidorska A., Wojtczak J., Philips A., Różański A., Dębski A., Kozłowski P., Matla M., Dobosz J., Jasiński T., Piontek J., Kóčka-Krenz H., Figlerowicz M. 2016c, *W poszukiwaniu Piastów*, „Opolskie Studia Administracyjno-Prawne” 14/4 (2), s. 63-77.
- Hanuliak M. 2014, *Burial rite at the territory of the Great Moravia*, w: P. Kouřil (red.), *Great Moravia and the beginnings of christianity*, Brno, The Institute of Archaeology of the Academy of Sciences of the Czech Republic, s. 98-104.
- Harbeck M., Schleuder R., Schneider J., Wiechmann I., Schmahl W.W., Grupe G. 2011, *Research potential and limitations of trace analyses of cremated remains*, „Forensic Science International” 204/1-3, s. 191-200.
- Jędrzejewska S. 2016, *Początki wczesnośredniowiecznej kultury Słowian i problem ich praojczyzny w polskich badaniach archeologicznych – rys historyczny*, w: B. Chudzińska, M. Wojenka, M. Wołoszyn (red.), *Od Bachorza do Światowida ze Zbrucza. Tworzenie się słowiańskiej Europy w ujęciu archeologicznym, historycznym i językoznawczym. Studia źródłoznawcze dedykowane Profesorowi Michałowi Parczewskiemu w 70-tą rocznicę urodzin*, Kraków–Rzeszów, Wydawnictwo Uniwersytetu Rzeszowskiego, s. 25-40.
- Juras A. 2012, *Etnogeneza Słowian w świetle badań kopalnego DNA*, Poznań, Archiwum Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu (maszynopis). <https://repozytorium.amu.edu.pl/bitstream/10593/2702/1/Anna%20Juras%20Praca%20doktorska.pdf>.
- Juras A., Dabert M., Kushniarevich A., Malmström H., Raghavan M., Kosicki J.Z., Metspalu E., Willerslev E., Piontek J. 2014, *Ancient DNA reveals matrilineal continuity in present-day Poland over the last two millennia*, „PLoS ONE” 9/10/e110839, s. 1-9. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0110839>.
- Kaczanowski P., Parczewski M. (red.) 2005, *Archeologia o początkach Słowian. Materiały z konferencji, Kraków, 19-21 listopada 2001*, Kraków, Księgarnia Akademicka.
- Kokowski A. 1995, *Grupa masłomęcka. Z badań nad przemianami kultury Gotów w młodszym okresie rzymskim*, Lublin, Wydawnictwo Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej.
- 1999, *Archeologia Gotów. Goci w Kotlinie Hrubieszowskiej*, Lublin, IdeaMedia.
- 2007, *Goci. Od Skandzy do Campi Gothorum (od Skandynawii do Półwyspu Iberyjskiego)*, Warszawa, Wydawnictwo Trio.
- Kontny B. 2016, *Przeworsk culture society and its longdistance contacts, AD 1-350*, w: A. Rzeszotarska-Nowakiewicz (red.), *The past societies. Polish lands from the first evidence of human presence to the Early Middle Ages, 4: 500 BC – 500 AD*, Warszawa, Instytut Archeologii i Etnologii Polskiej Akademii Nauk, s. 163-216.
- Kristiansen K. 2014, *Towards a new paradigm? The third science revolution and its possible consequences in archaeology*, „Current Swedish Archaeology” 22, s. 11-34.
- Kuna M., Profantová N. 2005, *Počátky raného středověku v Čechách*, Praha, Archeologický Ústav AV ČR Praha.

- Kushniarevich A., Utevska O., Chuhryaeva M., Agdzhoyan A., Dibirova K., Uktveryte I., Möls M., Mulahasanovic L., Pshenichnov A., Frolova S., Shanko A., Metspalu E., Reidla M., Tambets K., Tamm E., Koshel S., Zaporozhchenko V., Atramentova L., Kučinskas V., Davydenko O., Goncharova O., Evseeva I., Chumosov M., Pocheshchova E., Yunusbayev B., Khusnutdinova E., Marjanović D., Rudan P., Rootsi S., Yankovsky N., Endicott P., Kassian A., Dybo A., Tyler-Smith C., Balanovska E., Metspalu M., Kivisild T., Villems R., Balanovsky O. 2015, *Genetic heritage of the Balto-Slavic speaking populations: a synthesis of autosomal, mitochondrial and Y-chromosomal data*, „PLoS ONE” 10/9/e0135820, s. 1-19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0135820>.
- Magomedov B. 2001, *Černáhovská kul'tura. Problema étnosa*, Lublin, Wydawnictwo Uniwersytetu Marii Curie-Skłodowskiej (Monumenta Studia Gothica 1).
- Malyarchuk B. 2001, *Differentiation and genetic position of Slavs among Eurasian ethnic groups as inferred from variation in mitochondrial DNA*, „Russian Journal of Genetics” 37, s. 1437-1443.
- Malyarchuk B., Derenko M.V. 2001, *Mitochondrial DNA variability in Russians and Ukrainians: implication to the origin of the Eastern Slavs*, „Annals of Human Genetics” 65, s. 63-78.
- Malyarchuk B., Grzybowski T., Derenko M.V., Czarny J., Woźniak M., Miścicka-Śliwka D. 2002, *Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians*, „Annals of Human Genetics” 66, s. 261-283.
- Malyarchuk B.A., Vanacek T., Perkova M.A., Derenko M.V., Sip M. 2006, *Mitochondrial DNA variability in the Czech population, with application to the ethnic history of Slavs*, „Human Biology” 78/6, s. 681-696.
- Matisoo-Smith E., Horsburgh K.A. 2012, *DNA for archaeologists*, Walnut Creek, Left Coast Press.
- Mielnik-Sikorska M., Daca P., Malyarchuk B., Derenko M., Skonieczna K., Perkova M., Dobosz T., Grzybowski T. 2013, *The history of Slavs inferred from complete mitochondrial genome sequences*, „PLoS ONE” 8/1/e54360, s. 1-11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0054360>.
- Moździoch S. 2016, *From a tribe to a state*, w: M. Trzeciecki (red.), *The past societies. Polish lands from the first evidence of human presence to the Early Middle Ages, 5: 500 AD – 1000 AD*, Warszawa, Instytut Archeologii i Etnologii Polskiej Akademii Nauk, s. 123-167.
- Novembre J., Johnson T., Bryc K., Kutalik Z., Boyko A.R., Auton A., Indap A., King K.S., Bergmann S., Nelson M.R., Stephens M., Bustamante C.D. 2008, *Genes mirror geography within Europe*, „Nature” 456, s. 98-101, <https://doi:10.1038/nature07331>.
- Paczuski R. 2009, *Techniki paleobiochemiczne jako czynnik zmian w teorii i praktyce badań archeologicznych*, w: W. Dzieduszycki, J. Wrzesiński (red.), *Metody. Źródła. Dokumentacja*, Poznań, Stowarzyszenie Naukowe Archeologów Polskich, s. 141-144.
- Pohl W., Gingrich A. (red.) 2016, *The genetic challenge to medieval history and archaeology*, „Medieval Worlds” 4. DOI 10.1553/medievalworlds_no4_2016s1.
- Ralph P., Coop G. 2013, *The geography of recent genetic ancestry across Europe*, „PLoS Biology” 11/5/e1001555, s. 1-20. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001555>.
- Rębała K. 2006, *Analiza polimorfizmu 18 loci STR chromosomu Y metodą kompleksowej reakcji PCR. Badania populacyjne i zastosowanie w ustalaniu pokrewieństwa*, Gdańsk, Archiwum Katedry i Zakładu Medycyny Sądowej Akademii Medycznej w Gdańsku (maszynopis). <https://pbc.gda.pl/dlibra/doccontent?id=5767>.
- Rębała K., Mikulich A.I., Tsybovsky I.S., Sivakova D., Dzapinkova Z., Szczerkowska-Dobosz A., Szczerkowska Z. 2007, *Y-STR variation among Slavs: evidence for Slavic homeland in the middle Dnieper basin*, „Journal of Human Genetics” 52/5, s. 406-414.
- Rębała K., Martínez-Cruz B., Tönjes A., Kovacs P., Stumvoll M., Lindner I., Büttner A., Wichmann H.-E., Siváková D., Soták M., Quintana-Murci L., Szczerkowska Z., Comas D. 2013, *Contemporary paternal genetic landscape of Polish and German populations: from Early Medieval Slavic expansion to post-World War II resettlements*, „European Journal of Human Genetics” 21/4, s. 415-422.
- Słomski R. (red.) 2008, *Analiza DNA – teoria i praktyka*, Poznań, Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego.
- Słomski R., Dzieduszycki A.M., Lipiński D., Szalata M., Wielgus K., Zeyland J., Smorąg Z., Frąckowiak H., Ryba M.S. 2008, *Archeologia molekularna*, w: R. Słomski (red.), *Analiza DNA – teoria i praktyka*, Poznań, Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego, s. 383-389.

- Stolarek I., Figlerowicz M. 2016, *Homo sapiens w Europie – historia zapisana w DNA*, „Nauka” 3, s. 7-25.
- Stolarek I., Juras A., Handschuh L., Marcinkowska-Swojak M., Philips A., Zenczak M., Dębski A., Kóčka-Krenz H., Piontek J., Kozłowski P., Figlerowicz M. 2018, *A mosaic genetic structure of the human population living in the south Baltic region during the Iron Age*, „Scientific Reports” 8/2455, s. 1-14. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-20705-6>.
- Stolarek I., Handschuh L., Juras A., Nowaczewska W., Kóčka-Krenz H., Michalowski A., Piontek J., Kozłowski P., Figlerowicz M. 2019, *Goth migration induced changes in the matrilineal genetic structure of the central-east European population*, „Scientific Reports” 9/6737, s. 1-14. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-43183-w>.
- Ubelaker D.H. 2009, *The forensic evaluation of burned skeletal remains: a synthesis*, „Forensic Science International” 183/1-3, s. 1-5.
- Underhill P.A., Myres N.M., Rootsi S., Metspalu M., Zhivotovsky L.A., King R.J., Lin A.A., Chow C-E.T., Semino O., Battaglia V., Kutuev I., Jarve M., Chaubey G., Ayub O., Mohyuddin A., Mehdi S.Q., Sengupta S., Rogaev E.I., Khusnutdinova E.K., Pshenichnov A., Balanovsky O., Balanovska E., Jeran N., Augustin D.H., Baldovic M., Herrera R.J., Thangaraj K., Singh V., Singh L., Majumder P., Rudan P., Primorac D., Villems R., Kivisild T. 2010, *Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a*, „European Journal of Human Genetics” 18/4, s. 479-484.
- Underhill P.A., Poznik G.D., Rootsi S., Jarve M., Lin A.A., Wang J., Passarelli B., Kanbar J., Myres N.M., King R.J., Di Cristofaro J., Sahakyan H., Behar D.M., Kushniarevich A., Sarac J., Saric T., Rudan P., Pathak A.K., Chaubey G., Grugni V., Semino O., Yepiskoposyan L., Bahmanimehr A., Farjadian S., Balanovsky O., Khusnutdinova E.K., Herrera R.J., Chiaroni J., Bustamante C.D., Quake S.R., Kivisild T., Villems R. 2015, *The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a*, „European Journal of Human Genetics” 23, s. 124-131.
- Urbańczyk P. (red.) 2006, *Nie-Słowianie o początkach Słowian*, Poznań–Warszawa, Poznańskie Towarzystwo Przyjaciół Nauk. Instytut Archeologii i Etnologii Polskiej Akademii Nauk (Mała Biblioteka 18).
- Vai S., Brunelli A., Modi A., Tassi F., Vergata C., Pilli E., Lari M., Susca R.R., Giostra C., Pejrani Baricco L., Bedini E., Koncz I., Vida T., Mende B.G., Winger D., Loskotová Z., Veeramah K., Geary P., Barbujani G., Caramelli D., Ghirotto S. 2019, *A genetic perspective on Longobard-Era migrations*, „European Journal of Human Genetics” 27, s. 647-656.
- Wielgus K., Lipiński D., Dzieduszycki A.M., Ryba M., Słomski R. 2008, *Analiza sekwencji mitochondrialnego DNA z materiału wykopaliskowego*, w: R. Słomski (red.), *Analiza DNA – teoria i praktyka*, Poznań, Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego, s. 390-398.
- Witas H. 2007, *Kopalny DNA źródłem informacji w badaniach archeologicznych*, „Archeologia Polski” 52/1-2, s. 15-33.
- 2009, *Archeologia molekularna*, „Archeologia Żywa” 2/42, s. 32-37.
- Woźniak M., Grzybowski T., Starzyński J., Marciniak T. 2007, *Continuity of Y chromosome haplotypes in the population of Southern Poland before and after the Second World War*, „Forensic Science International: Genetics” 1/2, s. 134-140.
- Woźniak M., Małyarchuk B., Derenko M., Vanecek T., Lazur J., Gólmolcak P., Grzybowski T. 2010, *Similarities and distinctions in Y chromosome gene pool of Western Slavs*, „American Journal of Physical Anthropology” 142/4, s. 540-548.
- Zoll-Adamikowa H. 1975, *Wczesnośredniowieczne cmentarzyska ciałopalne Słowian na terenie Polski*, cz. 1. *Źródła*, Wrocław–Warszawa, Zakład Narodowy im. Ossolińskich, Wydawnictwo Polskiej Akademii Nauk.
- 1979, *Wczesnośredniowieczne cmentarzyska ciałopalne Słowian na terenie Polski*, cz. 2. *Analiza. Wnioski*, Wrocław–Warszawa, Zakład Narodowy im. Ossolińskich, Wydawnictwo Polskiej Akademii Nauk.
- 1995, *Modele recepcji rytuału szkieletowego u Słowian wschodnich i zachodnich*, „Światowit” 40, s. 174-184.