

## Streszczenie

### Wstęp

W ramach niniejszej rozprawy doktorskiej wykonano sekwencjonowanie NGS 120 genomów jądrowych, datowanych od epoki żelaza (n=2), poprzez okres rzymski (n=7) i wczesne średniowiecze (n=111) w Polsce. Materiały szkieletowe datowane na okres wczesnego średniowiecza obejmowały populacje reprezentujące:

1. „przeciętnych” mieszkańców Polski w okresie wczesnego średniowiecza - serie szkieletowe: Brześć Kujawski st. 5, Stary Brześć Kujawski Kolonia st. 3, Piotrów st. 1 (gm. Poddębice), Chełmno st. 20 (gm. Dąbie), Płock, Ostrowite st. 2 (gm. Chojnice), Sandomierz st. 1 i 7,
2. mieszkańców portowej osady handlowej na wyspie Wolin: Lubin st. 6,
3. prawdopodobną elitę wojskową państwa pierwszych Piastów, według dotychczasowych interpretacji archeologów przybyłą tu z terenu Rusi (Waregowie): Lutomiernik st. 1.

Dodatkowo uwzględniono w analizie szkielety reprezentujące populacje zamieszkujące teren współczesnej Polski we wcześniejszych okresach archeologicznych: przedstawiciele kultury wielbarskiej z okresu rzymskiego (I-IV w. n.e., Weklice st. 7, gm. Elbląg) oraz kultury łużyckiej z wczesnej epoki żelaza (VIII-V w. p.n.e.) (stanowiska Kałdus pow. chełmiński i Boguszewo pow. grudziądzki w woj. kujawsko-pomorskim). Włączenie tych populacji miało na celu próbę odpowiedzi na pytanie o historię zasiedlenia ziem dzisiejszej Polski.

### Cele pracy

Celem pracy była odpowiedź na następujące pytania:

1. Jaki był stopień zróżnicowania genetycznego populacji polskiej we wczesnym średniowieczu? Czy przeprowadzona analiza zróżnicowania genetycznego potwierdzi obserwacje antropologów, dotyczące wysokiego podobieństwa populacji w tym okresie?
2. Czy populacje z rejonu Brześcia Kujawskiego, pod warunkiem ich odpowiedniej liczebności, mogą być reprezentatywne w opisach zmienności genetycznej mieszkańców całego obszaru Polski we wczesnym średniowieczu?
3. Czy cmentarzysko lutomiernie można wiązać z obecnością wywodzących się ze Skandynawii grup wareskich - elit uczestniczących w tworzeniu państwowości

polskiej? Czy widoczne są analogie z osobnikami reprezentującymi nekropolie w Bodzi i innych, o domniemanej skandynawskiej proveniencji?

4. Czy badane populacje polskie z wczesnego średniowiecza różnią się istotnie od populacji zamieszkujących Polskę we wcześniejszych okresach historycznych?

### **Materiały i metody**

Materiał kostny do badań stanowiły w głównej mierze elementy ślimaka (ang. cochlea), korzenie zębów oraz kosteczki słuchowe. Izolację aDNA i przygotowanie bibliotek NGS wykonano w laboratorium aDNA typu clean-room (LaDNA) Katedry Antropologii Wydziału BiOŚ UŁ, a końcowe etapy normalizacji i sekwencjonowanie NGS w Pracowni Biobank Katedry Biologii Nowotworów i Epigenetyki Wydziału BiOŚ, UŁ. W przypadku osobników ze stanowiska Lutomiersk, wszystkie etapy pracy z materiałem kostnym wykonano w Institute of Genomics University of Tartu Estonia. Uzyskany materiał genetyczny wykorzystano w analizach pełnogenomowych w oparciu o zestaw klasycznych metod stosowanych w badaniach aDNA, tj. PCA (ang. principal component analysis) oraz F-statystyk (F3 i F4). Zastosowano także nowe metody, wchodzące obecnie w kanon badań aDNA, tj. ocenę podobieństwa genetycznego populacji/osobników w oparciu o odległość IBS (ang. identity by state) z projekcją UMAP (ang. uniform manifold approximation and projection). Do analiz porównawczych włączono przede wszystkim populacje z okresu wikingów z terenu Europy (n=15), będące największym dostępnym zbiorem danych o podobnej chronologii do populacji wczesnośredniowiecznej z Polski. Na podstawie uzyskanych wyników podjęto próbę oceny zróżnicowania genetycznego populacji Polskiej we wczesnym średniowieczu, obejmującą porównania wewnątrz- i zewnątrzpopulacyjne.

### **Wyniki**

Przeprowadzone analizy obejmowały 111 osobniki z populacji polskiej z wczesnego średniowiecza oraz osobniki reprezentujące kulturę łużycką (n=2) i okres rzymski (n=7). Przeprowadzone analizy wykazały znaczne zróżnicowanie wewnątrzpopulacyjne Polaków uwzględniając wszystkie analizowane stanowiska archeologiczne z wczesnego średniowiecza jednakże obserwowane różnice międzypopulacyjne są subtelne (z wyłączeniem Lutomierska). Uzyskany wynik jest zgodny z obserwacjami antropologów, które wykazały małe międzypopulacyjne zróżnicowanie kraniometryczne wczesnośredniowiecznych grup słowiańskich z terenu Polski. Wyróżniona grupa referencyjna, obejmująca lokalne populacje ze stanowisk Brześć Kujawski st. 5 oraz Stary Brześć Kolonia st. 3, może więc stanowić

reprezentatywną grupę w opisach zmienności genetycznej mieszkańców obszaru Polski we wczesnym średniowieczu. Osobniki z nekropolii w Lutomiernsku st. 1, wykazują znaczne wewnętrzne zróżnicowanie genetyczne. Dodatkowo, grupa Lutomiernska odbiega znacząco od obrazu genetycznego grup reprezentujących autochtoniczną ludność wczesnośredniowiecznej Polski. Badania pozwoliły dodatkowo wydzielić w populacji z Lutomiernska trzech grup reprezentujących osoby pochodzenia autochtonicznego (59%), allochtonicznego (29%) oraz „mieszanego” dwóch wcześniejszych komponentów (12%). Analiza indywidualna przedstawicieli tej grupy wykazała w większości podobieństwo genetyczne do grup wikińskich z terenu Anglii (England\_Viking) oraz w przypadku dwóch - do grupy z terenu Rosji (Russia\_Viking). Wykazano także podobieństwo genetyczne niektórych przedstawicieli populacji z Lutomiernska do grupy „polskich wikingów” (Polish\_Viking), obejmującej późnowikińską, elitarną nekropolię wareską w Bodzi na Kujawach. Dodatkowe analizy z włączeniem osobników reprezentujących populacje z wcześniejszych okresów wykazały brak istotnych zmian w czasie od wczesnej epoki żelaza. Wynik ten należy jednak potraktować jako wstępny, wymagający w przyszłości włączenia większej ilości danych (genomów jądrowych) na temat zróżnicowania genetycznego populacji poprzedzających wczesne średniowiecze.

## **Wnioski**

Uzyskane wyniki potwierdziły w dużym stopniu opisywane przez antropologów w oparciu o cechy morfologiczne szkieletu małe zróżnicowanie populacji z okresu wczesnego średniowiecza. Wykorzystanie danych pełnogenomowych i zastosowanie nowoczesnych metod analiz bioinformatycznych pozwoliły jednak uzyskać dużo bardziej szczegółowy obraz zróżnicowania populacji ludzkich z tego okresu, zarówno międzygrupowego jak i bardziej subtelnych różnic wewnątrzgrupowych, a także wyjaśnić jego źródła. Najważniejszym wynikiem pracy jest rozpoznanie na szerszą skalę infiltracji populacji państwa pierwszych Piastów przez grupy ludzkie wywodzące się źródłowo ze Skandynawii, biorące udział w tworzeniu elit wczesnego państwa polskiego. Kolejny to dokonana ocena stopnia zróżnicowania populacji „autochtonicznych” z tego okresu, wskazująca na reprezentatywność odpowiednio licznych serii z Kujaw analizach zjawisk etnogenetycznych w szerszej, ponadregionalnej perspektywie. Istotnym trzecim wynikiem tej pracy, choć wciąż mającym charakter wstępny ze względu na jednostkowe dane, jest wykazanie braku podstaw do wnioskowania o dyskontynuacji zasiedlenia obszaru ziem dzisiejszej Polski między początkiem epoki żelaza a wczesnym średniowieczem.

## Summary

### Introduction

As part of this doctoral dissertation, NGS sequencing of 120 genomes was performed, dating from the Iron Age (n=2), through the Roman period (n=7) and early Middle Ages (n=111) in Poland. Skeletal materials dating from the early Middle Ages included populations representing:

1. "average" inhabitants of Poland in the early Middle Ages - skeleton series: Brześć Kujawski, site 5, Stary Brześć Kujawski, Kolonia, site 3, Piotrów, site 1 (Poddębice commune), Chełmno, station 20 (Dąbie commune), Płock, Ostrowite station 2 (Chojnice commune), Sandomierz sites 1 and 7,
2. residents of the port trading settlement on the island of Wolin: Lubin site 6,
3. The probable military elite of the state of the first Piast dynasty, according to archaeologists' interpretations, came here from the area of Ruthenia (Varangs): Lutomiersk site 1.

In addition, the analysis included skeletons representing populations inhabiting the territory of modern Poland in earlier archaeological periods: representatives of the Wielbark culture from the Roman period (1st-4th century AD, Weklice site 7, Elbląg commune) and the Lusatian culture from the early Iron Age (8th-5th century BC) (sites Kałdus in the Chełmno district and Boguszewo in the Grudziądz district in the Kuyavian-Pomeranian Voivodeship). The inclusion of these populations was an attempt to answer the question about the history of the settlement of the lands of today's Poland.

### Material and methods

The bone material for the study consisted mainly of cochlea elements, tooth roots and auditory ossicles. Isolation of aDNA and preparation of NGS libraries were performed in the aDNA clean-room (LaDNA) laboratory of the Department of Anthropology, Faculty of Biology and Environmental Protection, University of Lodz, and the final stages of normalization and NGS sequencing were carried out in the Biobank Laboratory, Department of Cancer Biology and Epigenetics, Faculty of Biology and Environmental Protection, University of Lodz. In the case of individuals from the Lutomiersk site, all stages of work with bone material were performed at the Institute of Genomics, University of Tartu, Estonia. The genetic material obtained was used in genome analysis based on a set of classic methods used in aDNA research, i.e. PCA (principal component analysis) and F-statistics (F3 and F4). New methods were also

used, which are now part of the canon of aDNA research, i.e. the assessment of genetic similarity of populations/individuals based on the IBS (identity by state) distance with the UMAP (uniform approximation and projection) projection. Comparative analyzes mainly included populations from the Viking period from Europe (n=15), which are the largest available data set with a similar chronology to the early medieval population from Poland. Based on the obtained results, an attempt was made to assess the genetic diversity of the Polish population in the early Middle Ages, including comparisons within and outside the population.

## Results

The conducted analysis was based on 111 individuals from the Polish population from the early Middle Ages, individuals representing the Lusatian culture (n=2) and the Roman period (n=7). The conducted analysis showed a significant diversity of the Polish population, taking into account all the analyzed archaeological sites from the early Middle Ages (excluding Lutomiersk), however, the observed inter-population differences are subtle. The obtained result is consistent with the observations of anthropologists, which showed a small inter-population craniometric differentiation of early medieval Slavic groups from Poland. The distinguished reference group, including local populations from the sites of Brześć Kujawski site 5 and Stary Brześć Kolonia site 3, may therefore be a representative group in the descriptions of genetic variability of the inhabitants of Poland in the early Middle Ages. Individuals from the necropolis in Lutomiersk, site 1, show significant internal genetic diversity. In addition, the Lutomiersk group differs significantly from the genetic image of groups representing the indigenous population of early medieval Poland. The research allowed to distinguish in the population of Lutomiersk three groups representing people of autochthonous (59%), allochthonous (29%) and "mixed/hybrid" two previous components (12%). Individual analysis of representatives of this group showed genetic similarity to Viking groups from England (England\_Viking) and in the case of two - to a group from Russia (Russia\_Viking). The genetic similarity of some representatives of the population from Lutomiersk to the group of "Polish Vikings" (Polish\_Viking), including the late Viking, elite Varangian necropolis in Bodzia in Kujawy, was also demonstrated. Additional analyzes including individuals representing populations from earlier periods showed no significant change in time from the Early Iron Age. However, this result should be treated as preliminary, requiring in the future the inclusion of more data (nuclear genomes) on the genetic diversity of populations preceding the early Middle Ages.

## Conclusions

The obtained results confirmed to a large extent the low diversity of the population from the early Middle Ages described by anthropologists based on the morphological features of the skeleton. However, the use of full-genomic data (in low resolution) and the use of modern methods of bioinformatics analysis allowed to obtain a much more detailed picture of the diversity of human populations from that period, both between groups and more subtle intra-group differences, and to explain its sources. The most important result of the work is the recognition on a larger scale of the infiltration of the population of the state of the first Piast dynasty by human groups originating from Scandinavia, taking part in the formation of the elites of the early Polish state. Another is the assessment of the degree of differentiation of "autochthonous" populations from this period, indicating the representativeness of the numerous series from Kujawy in the analyses of ethnogenetic phenomena in a wider, supra-regional perspective. An important third result of this work, although still of a preliminary nature due to individual data, is the demonstration of the lack of grounds for inferring the discontinuation of the settlement of the area of today's Poland between the beginning of the Iron Age and the early Middle Ages.

