

# SPOŁECZEŃSTWO PAŃSTWA PIASTÓW – HISTORIA ODCZYTANA Z DNA



**prof. dr hab. inż.  
Marek Figlerowicz**

Chemik i biolog, profesor nauk biologicznych, członek korespondent PAN i PAU, był dyrektorem Instytutu Chemii Bioorganicznej PAN (2011–2023) i kierownikiem Zakładu Biologii Molekularnej i Systemowej (od 2004). Prowadzi pionierskie badania w genomice i biologii molekularnej RNA. Opublikował ponad 200 artykułów, posiada 13 patentów, kierował 30 projektami badawczymi.

[marekf@ibch.poznan.pl](mailto:marekf@ibch.poznan.pl)

Poznanie historii przodków, od dokumentów po archeogenomikę, pozwala odkrywać nasze korzenie. Nowoczesne badania genetyczne w kopalnych szczątkach ludzkich weryfikują dawne hipotezy i poglądy.

## Marek Figlerowicz

Instytut Chemii Bioorganicznej  
Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

Znajomość dziejów przodków – ich historii mówiącej, skąd przybyli, w jaki sposób żyli, jakie mieli relacje z innymi ludźmi – to zagadnienie od zawsze istotne i wciąż aktualne zarówno w niewielkim wymiarze jednostkowym, rodzinnym, jak i w dużej skali całych społeczności czy narodów. Do niedawna głównym sposobem poznawania naszej historii były analizy dokumentów oraz badania znalezisk materialnych stanowiących wytwory kultury i gospodarki rozwijanej przez człowieka przez wieki. Postęp technologiczny, który dokonał się w ostatnich latach w obszarze biologii molekularnej, stworzył całkowicie nowe możliwości poznawania historii biologicznej człowieka przez badania materiału genetycznego zachowanego w kopalnych szczątkach ludzkich. Dzięki tym nowatorskim podejściom uzyskaliśmy dostęp do informacji, które w wielu przypadkach sięgają znacznie głębiej niż analiza wytworów cywilizacji zbudowanej przez człowieka. W konsekwencji badania archeogenomiczne, bo o nich tu mowa, w krótkim czasie przyczyniły się do zweryfikowania wielu

hipotez i poglądów odnoszących się do przeszłości gatunku ludzkiego<sup>1</sup>.

Zdając sobie sprawę z możliwości, które oferuje archeogenomika, w Instytucie Chemii Bioorganicznej PAN podjęliśmy śmiało jak na ówczesne czasy próbę poznania struktury genetycznej populacji zamieszkujących tereny współczesnej Polski w pierwszych wiekach naszej ery (epoce żelaza) oraz w okresie formowania się polskiej państwowości (okresie wczesnego średniowiecza). Była to rzeczywiście odważna decyzja, zważywszy, że na początku drugiej dekady XXI wieku, tj. w momencie, gdy inicjowaliśmy pierwsze prace, było znanych zaledwie kilka kopalnych genomów człowieka i neandertalczyka. Interdyscyplinarne badania obu tych populacji zostały przeprowadzone w ramach projektu Symfonia i były zatytułowane: „Dynastia i społeczeństwo państwa Piastów w świetle zintegrowanych badań historycznych, antropologicznych i genomicznych”. Przedsięwzięcie finansowało Narodowe Centrum Nauki.

Efektem kilkuletnich intensywnych badań jest ponad 25 artykułów naukowych, które ukazały się na łamach prestiżowych periodyków z obszaru historii, archeologii i biologii. Jedną z najważniejszych prac, *Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE*, została opublikowana w 2023 roku w czasopiśmie „Genome Biology”<sup>2</sup>. Wierzymy, iż stanowi ona punkt zwrotny w ponad 200-letniej, gorącej dyskusji toczącej się wokół najbardziej zasadniczych

kwestii związanych z pochodzeniem Słowian zachodnich, w tym społeczeństwa państwa Piastów. Autorami tego przełomowego artykułu są biologowie, antropologowie, archeolodzy i historycy tworzący interdyscyplinarny zespół badawczy. Nie ulega bowiem wątpliwości, że jedynie tego typu grupy, złożone ze specjalistów z licznych dziedzin, których podejścia badawcze mogą wzajemnie się uzupełniać, mają szansę dokonać realnego postępu w rozumieniu niezwykle złożonych procesów demograficznych, które zachodziły w Europie Środkowo-Wschodniej w pierwszym tysiącleciu naszej ery.

## Europa przed czasami Piastów

Jednym z najbardziej dramatycznych okresów pierwszego tysiąclecia naszej ery była z pewnością druga połowa V wieku, kiedy to pod naporem plemion barbarzyńskich ostatecznie upadło cesarstwo zachodniorzymskie. W rezultacie w Europie powstały zupełnie nowe struktury polityczne i etniczne<sup>3</sup>. O ile historyczne wydarzenia i procesy leżące u podłoża transformacji od starożytności do chrześcijaństwa na terenach cesarstwa są stosunkowo dobrze rozpoznane, o tyle nadal niewiele wiemy na temat przemian, które zachodziły równoległe na terenach nienależących do nowo powstałej wspólnoty chrześcijańskiej. Jednym z takich wydarzeń, które ciągle wzbudza liczne kontrowersje, jest pojawienie się Słowian w Europie Środkowej. Żeby je wyjaśnić, przed wieloma laty zostały sformułowane dwie przeciwstawne hipotezy.

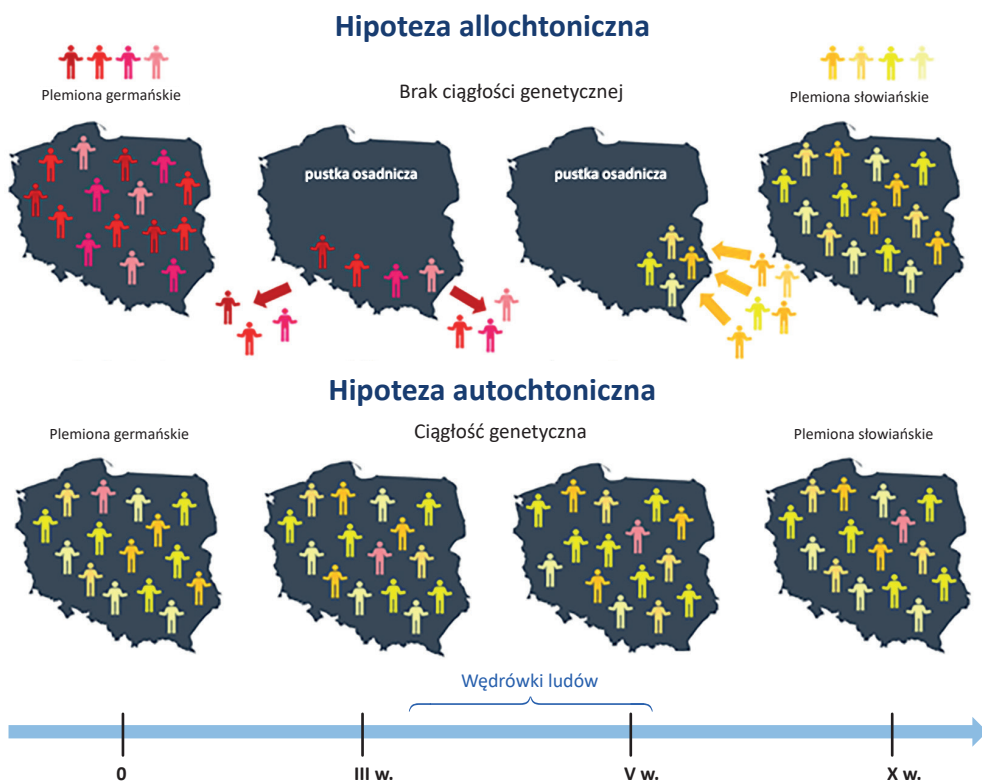
Pierwsza, allochtoniczna, głosi, że Słowianie przybyli do tego rejonu Europy nie wcześniej niż w VI wieku n.e.<sup>4</sup>, a druga, autochtoniczna, zakłada, że Słowianie zamieszkiwali tereny między Odrą a Wisłą na długo przed okresem wędrówek ludów<sup>5</sup>, którego początek tradycyjnie jest datowany na 375 rok n.e. (najazd Hunów na Europę), a koniec – na 568 rok n.e. (podbój Italii przez Longobardów) (ryc. 1).

Zebrane dotychczas dane wskazują, że pod koniec okresu późnego neolitu (3700–1800 p.n.e.) struktury genetyczne populacji zamieszkujących Europę Środkową ustabilizowały się i pozostawały w dużej mierze niezmienione aż do końca epoki brązu (1800–700 p.n.e.)<sup>6</sup>. Genomy mieszkańców tego regionu składały się wówczas z trzech głównych komponentów. Pierwszy z nich był związany z mezolitycznymi zachodnimi łowcami-zbieraczami, którzy przybyli do Europy około 14 tys. lat temu, drugi – z neolitycznymi rolnikami anatolijskimi, którzy migrowali do Europy 7–8 tys. lat temu, trzeci – z pasterzami z nad Morza Kaspijskiego i Morza Czarnego (kultura grobów jamowych), którzy rozprzestrzenili się w Europie 4–5 tys. lat temu.

Zagadnienia związane z późniejszym kształtowaniem się historii genetycznej Europy Środkowo-Wschodniej przez lata pozostawały kwestią otwartą głównie ze względu na brak odpowiedniego materiału do badań archeogenomicznych. Niewielka liczba szczątków z tego okresu wynikała z szerokiego rozpowszechnienia kremacji zmarłych w tym rejonie od mniej więcej 1700 roku p.n.e. aż do średniowiecza.

Ryc. 1

Hipotezy weryfikowane w ramach przeprowadzonych przez nas badań. Hipoteza allochtoniczna zakłada istnienie na terenach współczesnej Polski dwóch wyraźnie różnych pod względem genetycznym populacji: germańskiej i słowiańskiej. Pierwsza miała żyć na tym obszarze aż do okresu wielkich wędrówek ludów, a następnie zostać zastąpiona przez populację słowiańską, która przybyła tu w VI wieku n.e. Hipoteza autochtoniczna także zakłada istnienie dwóch wyraźnie różnych pod względem genetycznym populacji: germańskiej i słowiańskiej, tyle tylko że zgodnie z tą hipotezą tereny współczesnej Polski, przynajmniej od epoki żelaza, miała zamieszkiwać wyłącznie ta druga grupa





50 proc. lokalnych komponentów genetycznych. Jeżeli w kolejnych latach nie następował stały, równomierny dopływ imigrantów do nowo powstałej populacji tworzącej kulturę wielbarską, wówczas u przeciętnego jej przedstawiciela z drugiego pokolenia komponenty lokalne stanowiły średnio około 75 proc. genomu. W czwartym pokoleniu odsetek ten przekraczał już 90 proc. genomu. Mogliśmy zatem przyjąć, iż badając DNA członków populacji utworzonej w I wieku n.e. przez imigrantów z północy i lokalne kobiety, a następnie czerpiącej głównie z miejscowych zasobów genetycznych, poznawaliśmy *de facto* strukturę genetyczną ludności lokalnej. Co ciekawe, nasze analizy wykazały, że populacje zasiedlające w okresie rzymskim tereny współczesnej Danii, północnych Niemiec, Polski, a zapewne także Litwy i Łotwy, miały podobną strukturę genetyczną. Oznacza to, że genomy ludzi zamieszkujących wspomniane obszary były zbudowane z tych samych komponentów. Jedyne, co się zmieniało, to proporcje między poszczególnymi komponentami.

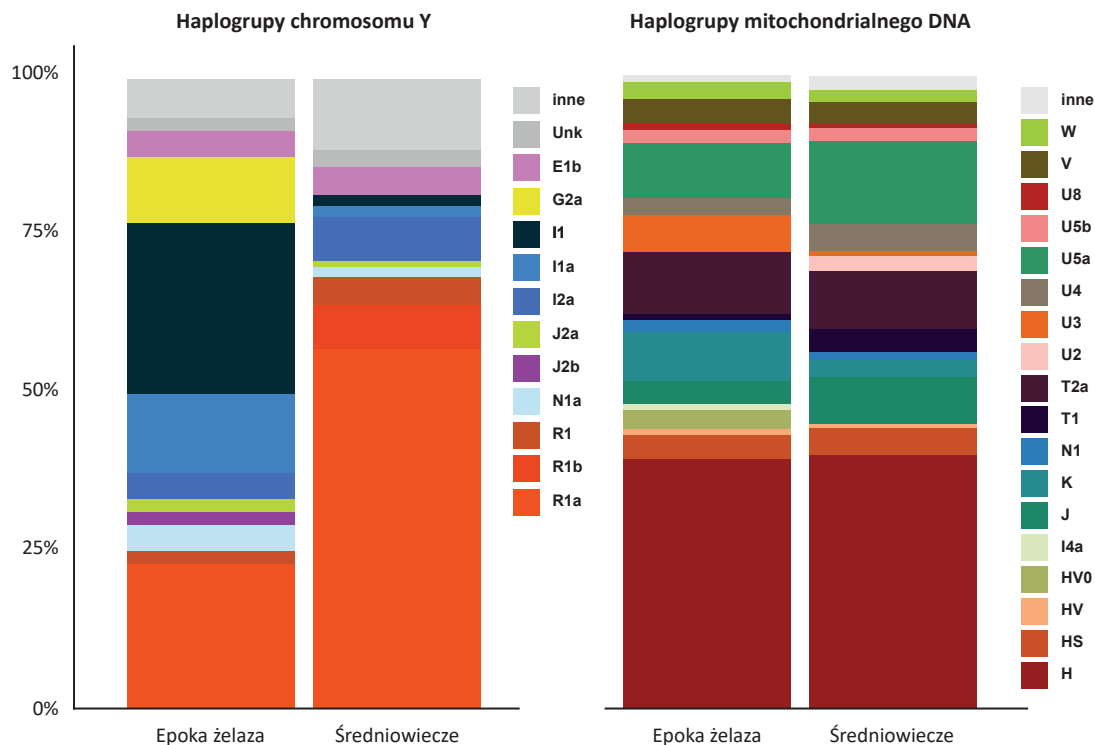
Ponadto wykazaliśmy, że w genomach przedstawicieli kultury wielbarskiej, żyjących w III–IV wieku n.e. w okolicach współczesnego Hrubieszowa, znajdowały się praktycznie wszystkie komponenty genetyczne, które zidentyfikowaliśmy w genomach późniejszej populacji tworzącej społeczeństwo państwa Piastów. Obserwacja ta pozwala sądzić, że już w IV–V wieku n.e. zakończyły się zasadnicze procesy demograficzne kształtujące strukturę genetyczną ludności zamieszkującej obszar współczesnej Polski w X–XII wieku n.e. Innymi słowy, rezultaty naszych badań wskazują,

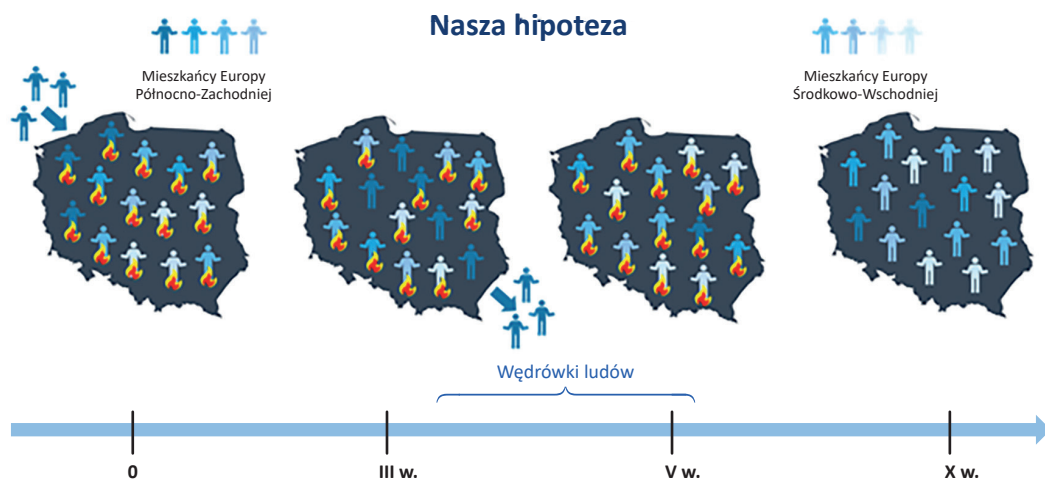
że do ukształtowania się struktury genetycznej mieszkańców państwa Piastów nie była konieczna żadna dodatkowa migracja po V wieku n.e. Warto tu raz jeszcze wspomnieć, że zgodnie z opisanym powyżej scenariuszem żyjący w III wieku n.e. przedstawiciele kultury wielbarskiej stanowili ósme lub dziewiąte pokolenie potomków imigrantów z północy oraz autochtonek. Ich genomy były więc prawie identyczne z genomami ludności lokalnej. Jedyne, co ich wyraźnie różniło, był przekazywany wyłącznie w linii męskiej chromosom Y. Przedstawione wyniki są zatem zgodne z hipotezą autochtoniczną, zakładającą genetyczną kontynuację na obszarze Europy Środkowo-Wschodniej w pierwszym tysiącleciu naszej ery.

### Zmiany genomu

Można zatem stwierdzić, że w całym pierwszym tysiącleciu naszej ery, tj. od czasów rzymskich aż do momentu powstania państwa Piastów, północny komponent genetyczny był bardzo silnie obecny w populacjach zamieszkujących obszar współczesnej Polski. Dotyczy to także lokalnej populacji, która do końca tego okresu kultywowała kremację jako podstawowy obrządek pogrzebowy. W przypadku kobiet przez całe pierwsze milenium nie doszło do żadnych istotnych zmian genetycznych – nie przybyły one z imigrantami i były zawsze pochodzenia lokalnego (zob. ryc. 3). Sytuacja lokalnych mężczyzn wydaje się nieco bardziej skomplikowana. Ogólnie ich genomy niewiele różniły się od genomów przybyszów z północy, wyjątek stanowił chromosom Y, który

Ryc. 3 Wyrażona w procentach częstość występowania poszczególnych haplogrup chromosomu Y i mitochondrialnego DNA w populacjach z epoki żelaza i średniowiecza. Każda haplogrupa chromosomu Y oraz haplogrupa mitochondrialnego DNA została oznaczona innym kolorem. Uzyskane wyniki jednoznacznie dowodzą, że w grupach imigrantów, którzy w pierwszych wiekach naszej ery przemierzali obszar współczesnej Polski, dominowały inne linie męskie niż w populacji z okresu średniowiecza, a praktycznie niezmienna w całym pierwszym tysiącleciu była częstość występowania poszczególnych linii żeńskich. Na tej podstawie można wnosić, że imigrantami byli mężczyźni, podczas gdy kobiety pochodziły z lokalnej społeczności. Wynik ten oznacza również, iż zgodnie z tym, co zakładaliśmy, przybysze mieszały się z miejscową ludnością





Ryc. 4  
Hipoteza wyłaniająca się z naszych badań zakłada ciągłość genetyczną oraz brak ciągłości kulturowej. Uzyskane przez nas wyniki przeczą wcześniejszym założeniom, jakoby w pierwszym tysiącleciu naszej ery w Europie Środkowo-Wschodniej i Północno-Zachodniej miały istnieć dwie wyraźnie różne pod względem genetycznym populacje: germańska i słowiańska. Przeprowadzone analizy wskazują na ciągłość genetyczną populacji zamieszkujących tereny dzisiejszej Polski przynajmniej od epoki żelaza do okresu średniowiecza. Równocześnie pozwalają one sądzić, że wszystkie populacje zasiedlające w pierwszym tysiącleciu naszej ery wybrzeża Bałtyku charakteryzowały się podobną strukturą genetyczną. Symbole ognia wskazują, że kremacja była powszechnie stosowanym obrzędkiem pogrzebowym wśród ludności lokalnej, nie dotyczyło to jednak imigrantów należących do kultury wielbarskiej

posiadają wyłącznie mężczyźni i zawsze dziedziczą go po ojcu (linie męskie przybyszów z północy były inne niż ludności lokalnej, zob. ryc. 3). Ze względu na obowiązujący wówczas niezwykle silny patriarchalny system społeczny populacje te były zamknięte na mężczyzn z plemion lokalnych. Nic zatem dziwnego, że w przypadku badanych mężczyzn z okresu rzymskiego (imigranci z północy i ich potomkowie) dominują typowe północne haplogrupy chromosomu Y (I, II). W tym miejscu należy jednak zauważyć, iż wraz z upływem czasu i rozprzestrzenianiem się kultury wielbarskiej na terenie współczesnej Polski, obok północnych haplogrup chromosomu Y zaczynają pojawiać się haplogrupy R1a, pochodzące zapewne od lokalnych mężczyzn. Obserwacja ta dowodzi, iż wspomniane wcześniej zamknięcie populacji kultury wielbarskiej na lokalnych mężczyzn nie zawsze było skuteczne. W ten oto sposób typowo północne chromosomy Y (I, II), a więc komponent genetyczny wyraźnie odróżniający imigrantów od ludności lokalnej, zaczęły być stopniowo zastępowane przez lokalne chromosomy Y (R1a). Nie dziwi zatem, że w chwili, gdy przybysze z północy opuścili obszar współczesnej Polski (w IV–V wieku n.e.), proces ekspansji północnych haplogrup chromosomu Y (I, II) na tym terenie został zakończony. Haplogrupy te były nadal obecne w populacji tworzącej państwo Piastów, jednak nie należały do dominujących. Z oczywistych względów

taką pozycję mogłyby utrzymać jedynie w obrębie grup tworzonych przez imigrantów.

## Społeczeństwo państwa Piastów

Niestety, jak wcześniej zauważono, ze względu na panujący obrządek pogrzebowy (kremacja) nie sposób jednoznacznie dowiedzieć, która haplogrupa chromosomu Y dominowała wśród ludności lokalnej w pierwszych wiekach naszej ery. Pojawianie się w obrębie społeczności kultury wielbarskiej haplogrup R1a, a więc typowych dla późniejszych populacji uznawanych powszechnie za słowiańskie, pozwala jednak przypuszczać, że także w przypadku chromosomu Y mamy do czynienia z kontynuacją genetyczną. Haplogrupa R1a przeważała w populacji lokalnej zarówno na początku pierwszego tysiąclecia naszej ery (tj. przed pojawieniem się na tym terenie imigrantów, którzy stworzyli kulturę wielbarską), jak i pod jego koniec. Innymi słowy, oznacza to, że lokalni mężczyźni żyjący w pierwszych wiekach naszej ery na terenach współczesnej Polski byli przodkami osób, które w X–XI wieku n.e. tworzyły społeczeństwo państwa Piastów. Nie znaczy to jednak, że w pierwszych wiekach naszej ery na terenach współczesnej Polski żyli Słowianie. Termin „Słowianie” odnosi się bowiem do kultury, która – jak można sądzić na podstawie znalezisk archeologicznych – rozwinęła się dopiero około VI wieku n.e. (ryc. 4). ■

<sup>1</sup> G. Brandt i in., *Ancient DNA reveals key stages in the formation of Central European mitochondrial genetic diversity*, „Science” 2013, nr 342(6155), s. 257–261; M.E. Allentoft i in., *Population genomics of Bronze Age Eurasia*, „Nature” 2015, nr 522(7555), s. 167–172.

<sup>2</sup> I. Stolarek i in., *Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE*, „Genome Biology” 2023, nr 24, <https://doi.org/10.1186/s13059-023-03013-9>.

<sup>3</sup> C.E.G. Amorim i in., *Understanding 6th-century barbarian social organization and migration through paleogenomics*, „Nature Communications” 2018, nr 9, <https://doi.org/10.1038/s41467-018-06024-4>.

<sup>4</sup> K. Godłowski, *Pierwotne siedziby Słowian*, Kraków 2000.

<sup>5</sup> J. Piontek, *Etnogeneza Słowian w świetle nowych badań antropologicznych*, „Slavia Antiqua” 2006, nr 47, s. 161–189.

<sup>6</sup> I. Lazaridis i in., *Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans*, „Nature” 2014, nr 513(7518), s. 409–413.

<sup>7</sup> A. Cieśliński, *The society of Wielbark culture, AD 1–300* [w:] *The past societies, t. 4: Polish lands from the first evidence of human presence to the Early Middle Ages: 500 BC – 500 AD*, red. A. Rzeszotarska-Nowakiewicz, Warszawa 2016, s. 217–256.