



**Uniwersytet Kardynała Stefana Wyszyńskiego
w Warszawie
INSTYTUT NAUK BIOLOGICZNYCH**

01-938 Warszawa, ul. Wóycickiego 1/3 | tel. 668279692 | www.inb.edu.pl; www.ceie.edu.pl | e-mail: k.szostek@uksw.edu.pl

Prof. zw. dr hab. Krzysztof Szostek

Warszawa 29.08.2023 r.

Instytut Nauk Biologicznych

UKSW w Warszawie

ul. Wóycickiego 1/3, Warszawa

Recenzja rozprawy doktorskiej

Pani mgr Pauliny Małgorzaty Borówki

***pt. „ Zróżnicowanie genetyczne populacji ludzkich zamieszkujących teren dzisiejszej Polski
we wczesnym średniowieczu”***

Paleogenetyka to badanie przeszłości starożytnych organizmów poprzez analizę zachowanego w ich szczątkach materiału genetycznego. Na długo przed sekwencjonowaniem DNA już na początku lat 60 XX wieku Emile Zuckerkandl i Linus Pauling wprowadzili do obiegu naukowego ten termin. Jednak dopiero w połowie lat 80 XX wieku archeogenetyka zaistniała jako nowoczesna metoda badań naszych antenatów. Svante Paabo jako jeden z twórców nowoczesnej paleogenetyki wskazał w swoich licznych badaniach ukoronowaną nagrodą Nobla, że archeogenetyka bez antropologii biologicznej i archeologii jest ślepa a antropologia bez archeogenetyki bardzo często bezradna.

Takie interdyscyplinarne ujęcie metodologiczne zostało umiejętnie zastosowane w ocenianym przeze mnie doktoracie. Na samym wstępie chciałbym podkreślić, że praca doktorska Pani magister Pauliny Borówki jest doskonałym przykładem holistycznego i szeroko płaszczyznowego opracowania dotyczącego zróżnicowania genetycznego populacji ludzkich z terenu dzisiejszej Polski we wczesnym średniowieczu, w którym dane paleogenetyczne naniesione zostały na szczegółowe tło archeologiczne z uwzględnieniem analiz antropologicznych.

Oceniana przeze mnie praca doktorska nosi znamiona pionierskie i innowatorskie, bowiem wykorzystany został w niej unikalny materiał szkieletowy jak i wieloskalowe i szerokopłaszczyznowe badania genomów jądrowych. Co prawda kilka tygodni temu ukazała się praca zespołu profesora Figlerowicza (Genome Biology - 25 lipca 2023 roku) dotycząca podobnego zagadnienia jednak z chronologicznego punktu widzenia to właśnie oceniany przeze mnie doktorat jest pierwszym tego typu opracowaniem w Polsce. Należy również zaznaczyć, że prowadzone dotychczas analizy archeogenetyczne wykorzystujące materiały szkieletowe historycznych grup ludzkich tworzących podwaliny społeczeństwa polskiego we wczesnym średniowieczu realizowane były w oparciu o mitochondrialne DNA.

Rozprawa doktorska jest obszernym bardzo dobrze napisanym 246 stronicowym opracowaniem o strukturze typowej dla pracy naukowych z zachowanymi proporcjami pomiędzy rozdziałami. Godnym podkreślenia jest fakt wykorzystania ponad 220 precyzyjnie dobranych pozycji literaturowych, z których prawie 50% to publikacje nie starsze niż siedmioletnie.

Rozprawę doktorską rozpoczyna poprzedzony abstraktem syntetyczny i logicznie zaplanowany wstęp, w którym doktorantka omawia kluczowe dla Jej badań zagadnienia. Przedstawione zostały najważniejsze nurty badawcze dotyczące analiz starego DNA. Chciałbym zaznaczyć, że doktorantka nawiązując do dotychczas opublikowanych prac dotyczących zmienności genetycznej mtDNA populacji zamieszkujących ziemię dzisiejszej Polski nie uwzględniła jednej ważnej pozycji dotyczącej badań przeprowadzonych przez dr Annę Juras i współpracowników opublikowaną w 2021 roku w American Journal of Physical Anthropology. Autorka rozprawy doktorskiej wskazała, że dotychczasowe badania dotyczące analiz starego DNA z terenów Polski obejmowały przede wszystkim analizy na poziomie nierekombinujących loci mitochondrialnego DNA. A te oparte o dane pełnogenomowe stanowiły część szerszych geograficznie projektów realizowanych przez zagranicznych autorów. Jednocześnie wskazała, że większość tych prac obejmowała analizy okresów starszych chronologicznie - z okresu neolitu czy też epoki brązu. Doktorantka słusznie zauważyła, że w literaturze przedmiotu coraz częściej zainteresowanie naukowców przesuwają się w kierunku badań genetycznych lokalnych populacji z okresów młodszych w tym wczesnego średniowiecza. Badania zjawisk zmienności i ciągłości genetycznej grup ludzkich z terenu Europy Centralnej, które zostały podjęte w rozprawie doktorskiej są bardzo trudne z punktu widzenia metodologicznego ze względu na ciałopalny charakter pochówków od okresu brązu, aż do wczesnego średniowiecza.

Podsumowując, we wstępie obok aktualnego stanu wiedzy z zakresu archeogenetyki oraz antropologii biologicznej Autorka porusza także zagadnienia dyskusyjne, które stają się jasno sprecyzowanymi celami pracy.

Szczegółowe i bardzo dobrze skonstruowane cele badawcze w sposób logiczny wynikają z zarysowanego we wstępie zagadnienia naukowego i wypełniają poniekąd lukę w zakresie pełnogenomowych badań archeogenetycznych z terenów obecnej Polski. Pełnogenomowa analiza kopalnego DNA grup ludzkich tworzących społeczeństwo polskie we wczesnym średniowieczu została ujęta w bardzo ambitne cele badawcze. Dotyczą one próby odpowiedzi na następujące pytania; 1/ jaki był stopień zróżnicowania genetycznego populacji ludzkich zamieszkujących Polskę we wczesnym średniowieczu. 2/ czy grupy reprezentujące jeden region w tym wypadku Kujawy mogą być reprezentatywne w opisach zmienności genetycznej dla całego obszaru Polski we wczesnym średniowieczu. 3/ czy cmentarzysko ze stanowiska w Lutomiersku można wiązać z wpływami skandynawskimi. 4/ czy grupy z wczesnego średniowiecza różnią się od tych zamieszkujących teren Polski we wcześniejszych okresach.

Przedłożony mi do recenzji doktorat Pani magister Pauliny Małgorzaty Borówki oparty jest o niepublikowane wcześniej dane. Materiał badawczy reprezentuje szerokie spektrum chronologiczne uwzględniające zróżnicowanie biologiczno-kulturowe pochówków szkieletowych od epoki żelaza przez okres rzymski, aż po wczesne średniowiecze. W badaniach wykorzystano 120 szkieletów, z których pobrano próbki służące do pełnogenomowego sekwencjonowania NGS. Szeroko płaszczyznowe analizy archeogenetyczne uwzględniały 12 stanowisk archeologicznych z terenu Polski. Wyselekcjonowane osobniki pochodziły z różnorodnych pod względem formy oraz wyposażenia grobów, ukazując tym samym pełne spektrum ówczesnej stratygrafii społecznej. Unikalny materiał szkieletowy służący w realizacji celów badawczych został słusznie podzielony na trzy główne grupy. Pierwszą stanowiły szkielety osób pochowanych na 7 cmentarzyskach datowanych na okres wczesnego średniowiecza. Wśród nich wydzielono „swoistą” autochtoniczną grupę referencyjną składającą się z 28 osobników nekropolii Brześć Kujawski stanowisko 5 oraz 22 osobników ze stanowiska 3 w Brześciu Kujawskim. Druga grupa reprezentowana była przez średniowiecznych mieszkańców osady handlowej pochowanych na stanowisku Lubin na wyspie Wolin. Trzecia to natomiast domniemana elita wojskowa państwa pierwszych Piastów, która według danych literaturowych składała się z osób przybyłych z Rusi pochowanych na cmentarzysku w Lutomiersku. W celu odpowiedzi na pytanie dotyczące ewentualnej ciągłości genetycznej średniowiecznych grup z terenu

Polski w odniesieniu do szerokiego horyzontu chronologicznego wykorzystano unikalne szkielety przedstawicieli kultury wielbarskiej pochowanych w Weklicach oraz osobników kultury łużyckiej z wczesnej epoki żelaza ze stanowiska Kałdus i Boguszewo.

Na uwagę zasługuje bardzo dobrze dobrany materiał porównawczy z wczesnego średniowiecza i okresu wikingów składający się z 374 osobników datowanych od VII do XII wieku naszej ery. Dane archeogenetyczne zróżnicowanych geograficznie grup wikingów w tym tak zwanych wikingów polskich zaczerpnięto z pracy Margarynian i współpracowników z 2020 roku. W związku z faktem, że wymienione grupy obejmują elitarne pochówki wikingów oraz lokalne, o potwierdzonym pochodzeniu skandynawskim, stanowią one bardzo dobre tło porównawcze. Na szczególne podkreślenie zasługuje bardzo szczegółowe tło archeologiczne uwzględniające nie tylko stratyografię społeczną pochowanych osobników ale również orientację przestrzenną na terenie analizowanych nekropolii. Te informacje łącznie z danymi antropologicznymi umożliwiły nie tylko interpretację wyników w aspekcie zmienności międzygrupowej ale stały się wyjątkowym źródłem wiedzy pomocnym w badaniach zmienności wewnątrz grupowej i analizie związków genetycznych między poszczególnymi osobnikami.

Rozpoznawalny na arenie międzynarodowej zespół badawczy, którego członkinią jest Pani magister Paulina Borówka znany jest z zastosowania najnowszych metod analizy starego DNA i te nowoczesne metodologie badawcze zaprezentowano w całej okazałości w niniejszym doktoracie. Izolację aDNA oraz przygotowanie bibliotek NGS przeprowadzono w oparciu o materiał pozyskany z kości skalistej, korzeni zębów oraz kosteczek słuchowych. Chciałbym szczególnie podkreślić nowatorski charakter metodyczny wykorzystany w niniejszej pracy dotyczący pobierania próbek do badań bez naruszenia integralności czaszki. Ta procedura będąca unikalną modyfikacją stosowanych dotychczas metod inwazyjnych może być z powodzeniem opatentowana. Godny podkreślenia jest także fakt, że wszystkie etapy sekwencjonowania i normalizacji bibliotek NGS przeprowadzono w macierzystych laboratoriach DNA oraz Pracowni Biobank na wydziale BiOŚ Uniwersytetu Łódzkiego. W przypadku analiz szczątków kostnych ze stanowiska Lutomiersk analizy zostały wykonane we współpracy z Instytutem Genomiki Uniwersytetu w Tartu.

Wszystkie etapy badań wykonanych w niniejszej pracy są bardzo czytelnie i szczegółowo przedstawione. Począwszy od przygotowania bibliotek NGS poprzez ich wysokoprzepustowe sekwencjonowanie aż do bioinformatycznej analizy wyników oddzielających sekwencje endogenne od egzogennych świadczą o bardzo dobrym przygotowaniu metodycznym doktorantki. Co więcej samodzielnie zostało przeprowadzone

mapowanie odczytów i porównanie ich do sekwencji referencyjnych ludzkiego genomu co w efekcie umożliwiło usunięcie niespecyficznych dopasowań oraz duplikatów. W ten sposób materiał genetyczny wykorzystano w pełnogenomowych analizach nie poprzestając tylko na klasycznych metodach PCA. Doktorantka podjęła interpretację wyników za pomocą statystyk F3 i F4 ukazujących podobieństwa między analizowanymi populacjami oraz umożliwiającymi weryfikację hipotez dotyczących przepływu genów w modelach historycznych. Analizy dotyczące F-statystyk przeprowadzono w oparciu o ocenę stopnia ryzyka błędów alfa i beta w falsyfikacji hipotez statystycznych. Dodatkowo w badaniach zastosowano analizę IBS pozwalającą na określenie podobieństwa genotypów dla analizowanych dwóch osobników a po transformacji logarytmicznej IBS dane rzutowano na układ współrzędnych przy użyciu metody UMAP. Dzięki temu Doktorantce udało się z powodzeniem umieścić analizowanych osobników w przestrzeni trójwymiarowej. Metoda ta wchodząca do kanonu badań archeogenetycznych w odróżnieniu od klasycznej metody PCA umożliwia uwypuklenie różnic między analizowanymi osobnikami.

Uważam, że analizy zostały przeprowadzone w oparciu o najnowsze metodologie spełniające najbardziej surowe kryteria wymagane w badaniach archeogenetycznych na gruncie nauki międzynarodowej.

Wyniki pracy doktorskiej zostały przedstawione na 47 stronach oraz uzupełnione o szczegółowe dane zaprezentowane w aneksie w postaci 35 tabel i wykresów. Interpretacja wyników jest wyważona i wielopłaszczyznowa świadcząca o dużej dojrzałości badawczej Autorki i nie budzi zastrzeżeń. Dzięki zastosowaniu różnorodnych modeli i metod badawczych Doktorantka uzyskała wgląd w szereg zależności między oraz wewnątrz populacyjnej zmienności genetycznej badanych grup. Zaproponowane podrodziały czytelnie przedstawiają zasadnicze kroki badawcze mające weryfikować postawione hipotezy naukowe. Podstawowa i szeroko stosowana metoda PCA wskazała zróżnicowanie analizowanych grup we wczesnym średniowieczu na tle trzech głównych komponentów genetycznych, które uformowały populacje europejskie. Były to zachodnie grupy łowców i zbieraczy, grupy anatolijskich rolników oraz pasterzy kultury Yamnaya. Wynik tej analizy wykazał, że cała reprezentacja osobników z terenów dzisiejszej Polski pochodząca z różnych okresów historycznych mieści się w przestrzeni zróżnicowania genetycznego wyznaczonego przez wymienione powyżej populacje. Pani magister Paulina Borówka słusznie zauważyła, że niezbyt czuła metoda PCA ukazała bliskie skupienie punktów w badanych okresach chronologicznych, które przy zastosowaniu imputacji EIGENSTRAT jest trudne do interpretacji i wynika z faktu, że zaobserwowane w niniejszych badaniach zróżnicowanie

genetyczne w badanym czasookresie nie podlegało drastycznym zmianom. Dlatego słusznie z punktu widzenia metodologicznego Doktorantka podjęła analizę oceniającą zróżnicowanie badanych grup poprzez analizę występowania w genomach badanych osobników identycznych alleli. Zastosowany w tym celu model IBS-UMAP pozwolił na rozdzielenie badanych przez Autorkę grup uwzględniając genetyczne komponenty ludnościowe WHG, ANA oraz YAM. Wykonane w powyższym modelu analizy wykazały, że grupy reprezentujące poszczególne stanowiska archeologiczne nie posiadają homogennego rozkładu i świadczą o złożonej strukturze genetycznej. Autorka rozprawy doktorskiej wskazuje, że obraz ten może wynikać z efektu zbyt niskiej średniej wartości pokrycia genomu jądrowego. Niezależnie od tego można zauważyć, że najbardziej zbliżonymi do autochtonicznych grup z Brześcia Kujawskiego są raczej warianty grupy WHG i ANA niż pasterskie populacje Yamnaya. Bardzo ciekawym wynikiem jest fakt słabego grupowania osobników według stanowisk za wyjątkiem grupy lutomierskiej. Należy podkreślić, że analizowane osobniki reprezentujące kulturę łużycką mieszczą się w chmurze zmienności genetycznej populacji Polski z okresu wczesnego średniowiecza. Jednocześnie można zaobserwować bliskie sąsiedztwo grupy określanej jako wikingowie ukraińscy, która według danych literaturowych jest genetyczną mieszkanką ludności wikińskiej oraz lokalnej przy jednoczesnym odległym podobieństwie do szwedzkich i brytyjskich grup wikińskich. W następnej części opisywanego podrozdziału Autorka przechodzi do szczegółowych analiz poszczególnych analizowanych w niniejszym doktoracie stanowisk archeologicznych. Wykazano między innymi, że w obrębie homogennej grupy lutomierskiej można wyróżnić trzy podgrupy. W grupie pierwszej składającej się z 12 osobników obojga płci znalazł się między innymi jeden z bardziej istotnych pochówków, uważany dotychczas za reprezentanta tak zwanych wojowników wareskich. W drugiej grupie znalazły się dwie kobiety być może z sobą spokrewnione. Co ciekawe w próbkach została wykazana haplogrupa (N1a1a1a1), która została odnotowana w innych, wcześniej opublikowanych badaniach w pochówku kobiety reprezentującej kulturę pucharów lejkowatych z terenu Brześcia Kujawskiego.

Wykorzystane w niniejszych badaniach statystyki F3 i F4 są zarówno miarą podobieństwa występowania częstości alleli pomiędzy analizowanymi populacjami jak i stopnia wspólnego pochodzenia osobników w historycznych modelach przepływu genów. Dzięki tym statystykom udało się Autorce doktoratu wykazać między innymi: 1/ duże podobieństwo genetyczne osobników pochowanych na stanowiskach archeologicznych z Brześcia Kujawskiego. Przy czym pomimo dużego ich podobieństwa nie zaobserwowano silnej wymiany genów pomiędzy tymi dwoma grupami. Pani magister Paulina Borówka

podkreśla, że aby rozstrzygnąć wspólne pochodzenie osobników reprezentujących te dwie grupy należałoby zbadać genomy pochodzące od lokalnych przedstawicieli reprezentujących starsze okresy chronologiczne. 2/ wszystkie pozostałe grupy średniowieczne poza osobnikami pochodzącymi ze stanowiska w Lutomiersku są zbliżone pod względem genetycznym do autochtonicznych grup z Brześcia Kujawskiego. 3/ osobnicy pochowani na cmentarzysku w Lutomiersku stanowią częściowo odrębną grupę genetyczną najsilniej różnicującą pozostałe populacje. 4/ dzięki zastosowaniu referencyjnego klastra, w którego skład weszli osobnicy z Brześcia Kujawskiego Doktorantka uchwyciła subtelne różnice zmienności genetycznej we wczesnym średniowieczu i wskazała, że pozostałe analizowane grupy nie stanowią odrębnych genetycznie populacji przy czym ich wewnętrzne zróżnicowanie wpisuje się w kanon genetycznej zmienności między populacyjnej mieszkańców wczesnośredniowiecznej Polski.

W dalszej części wyników Doktorantka przedstawiła bardzo ciekawą i ważną z punktu widzenia metodycznego analizę między populacyjnych relacji genetycznych w obrębie badanych grup wczesno średniowiecznych oraz wybranych literaturowych danych pochodzących z 15 grup wikińskich. Wyniki tej analizy są kwintesencją szczegółowych badań prowadzonych w ocenianym doktoracie. Okazało się między innymi, że grupa osobników wyeksplorowanych na stanowisku Brześć Kujawski 5 jest populacją lokalną bez skandynawskiej domieszki genetycznej. Podobna sytuacja dotyczy analizowanego osadnika z Chelmu oraz ze stanowiska Lubin. Szczegółowa genetyczna analiza indywidualna umożliwiła weryfikację hipotezy dotyczącej wikińskiego pochodzenia osób pochowanych na stanowisku w Lutomiersku. Okazało się, że wykazują oni znaczne zróżnicowanie genetyczne, które umożliwiło wydzielenie trzech głównych podgrup: 1/ lokalnej reprezentowanej przez 10 osobników pochowanej w różnych strefach cmentarzyska o różnym wyposażeniu grobowym. 2/ druga grupa to osobniki allochtoniczne, do której zaklasyfikowano pięciu osobników najbardziej zbliżonych do grupy wikingów brytyjskich. Jednak szczegółowe analizy statystyk F4 ukazały brak jednorodności genetycznej w obrębie tej grupy i wskazały, że przepływ genów następował między estońskimi, duńskimi, szwedzkimi oraz polskimi grupami wikingów. 3/ trzecia grupa to tak zwane osobniki "mieszane" pod względem pochodzenia, które dzieliły podobieństwo genetyczne z polską grupą referencyjną oraz z populacjami wikińskimi. W obrębie tej grupy zweryfikowano pochodzenie jednego z najciekawszych pochówków na tym cmentarzysku, którego wyposażenie miało świadczyć o domniemanym pochodzeniu wschodnim (wikingowie rosyjscy). Przeprowadzona analiza indywidualna wskazała, że największe podobieństwo dzieli on z populacją wikingów polskich. Dzięki zastosowanym szczegółowym analizom wykorzystującym precyzyjnie modele "F" Pani

magister Paulina Borówka wykazała, że domniemany elitarny pochówek wikiński okazał się osobnikiem pochodzenia autochtonicznego, dodatkowo kobiety pochowane na tym cmentarzysku zaliczone do grupy allochtonicznej były chowane obok allochtonicznych mężczyzn. W przypadku kobiet miejscowych ich pochówki były usytuowane w obrębie przedstawicieli lokalnej społeczności. Dzięki analizom archeogenetycznym w powiązaniu z tłem archeologicznym Doktorantka wykazała, że lokalne kobiety były chowane w grobach pozbawionych obstawy kamiennej natomiast kobiety z grupy allochtonicznej wyposażone były w bogate groby posiadające obstawę kamienną.

Wyniki analiz osobników pochodzących z cmentarzysk Ostrowite, Sandomierz i Piotrów wskazują na nich lokalne pochodzenie ze znacznym udziałem przepływu genów z referencyjną grupą Brześcia Kujawskiego oraz nieznacznym przepływem genów z grupami wikińskimi. Najstarsze chronologicznie grupy z Weklic, Boguszewa i Kałdusa wykazały przepływ genów pomiędzy referencyjną grupą z Brześcia Kujawskiego oraz estońskimi, duńskimi i szwedzkimi wikingami.

Dyskusja oparta jest o bardzo dobrze dobraną i bogatą literaturę przedmiotu. Doktorantka porównała własne niepublikowane wcześniej pełnogenomowe dane pochodzące z badanych przez siebie różnorodnych grup z wynikami uzyskanymi przez cytowanych w dyskusji autorów. Doktorantka naniósł szeroki horyzont badań antropologicznych, archeologicznych i historycznych dotyczących obecnego stanu wiedzy na temat historii obecności Słowian na ziemiach polskich. Wskazała jednocześnie, że dużą luką w wyjaśnieniu tych procesów jest brak oceny zmienności genetycznej ludności zamieszkującej teren Polski w okresie kształtowania się państwa pierwszych Piastów na podstawie genomów jądrowych. Jak już wspomniałem po otrzymaniu doktoratu do oceny pojawiła się praca dotycząca tego okresu opublikowana przez zespół profesora Figlerowicza. Jednak ze względu na fakt, że publikacja ta ujrzała światło dzienne już po badaniach wykonanych przez Panią magister Paulinę Borówkę nie mogła stanowić tła w przeprowadzonej dyskusji. W szczegółowej dyskusji wykazano wzrost zróżnicowania wewnątrz populacyjnego przy jednoczesnym zmniejszeniu się genetycznej zmienności międzygrupowej, co jak słusznie zauważała Doktorantka jest zgodne z wcześniejszymi badaniami antropologicznymi. Badania porównawcze wskazały, że analizowane grupy reprezentujące różne wczesno średniowieczne stanowiska archeologiczne wykazują autochtoniczne pochodzenie i stanowią odrębną grupę w stosunku do osobników wyeksplorowanych na stanowisku w Lutomierniu i do grupy tak zwanych polskich wikingów a najbliższe genetycznie grupy wśród wikingów europejskich to grupy szwedzkie i ukraińskie. Doktorantka wyraźnie zaznaczyła w tekście, że wyniki te

należy traktować ostrożnie ze względu na fakt silnego zróżnicowania etnicznego populacji wikińskich.

Informacje zawarte w dyskusji bardzo płynnie i w sposób logiczny przechodzą w odpowiedzi na zadane pytania badawcze. Najważniejsze i nowatorskie z punktu widzenia poznawczego są wnioski dotyczące między innymi: 1/ populacja lutomierska uważana dotychczas za najbardziej zbliżoną do wareskich grup rosyjskich wikingów jest najbliższa genetycznie populacji wikingów brytyjskich. Przy czym szczegółowa analiza zmienności wewnątrz grupowej przeprowadzona w oparciu o indywidualne statystyki F4 zaowocowała wydzieleniem trzech podgrup: autochtonicznej, allochtonicznej i mieszanej. Okazało się, że jedynie dwóch osobników tej grupy było genetycznie zbliżonych do grup rosyjskich wikingów. Należy podkreślić, że odtworzenie genetycznej zmienności wewnątrz grupowej było możliwe dzięki uwzględnieniu indywidualnych porównań genetycznych. Zastosowane ujęcie indywidualnych porównań genetycznych wskazało również, że osoby zamieszkujące osadę w Lubinie na wyspie Wolin nie wykazują śladów wpływu wikingów a grupa ta wykazuje duże podobieństwo do typowych populacji słowiańskich. 2/ hipoteza dotycząca dyskontynuacji zasiedlenia terenu obecnej Polski od epoki brązu do wczesnego średniowiecza nie była co prawda głównym celem doktoratu ale jest ważnym przyczynkiem w dyskusji nad ciągłością genetyczną populacji ludzkich żyjących na terenie obecnej Polski. Autorka odniosła się do wcześniej przeprowadzonych badań opartych o analizę mitochondrialnego DNA, które wykazały niewielkie zróżnicowanie dystrybucji haplogroup mtDNA w szerokim ujęciu chronologicznym. W ocenianym przeze mnie doktoracie Pani magister Paulina Borówka zdając sobie sprawę z dużych ograniczeń klasycznej metody PCA wykorzystwała metodę IBS z zastosowaniem UMAP. Analizy wykazały, że nie istnieje wyraźne różnicowanie między badanymi stanowiskami archeologicznymi z wyjątkiem grupy lutomierskiej tworzącej osobny, zwarty klaster. W zastosowanych modelach osobniki zaliczone do kultury łużyckiej nie odbiegały od autochtonicznych grup z Brześcia Kujawskiego. Jednocześnie przedstawiciele tej kultury wykazali mniejsze odległości biologiczne w stosunku do populacji wczesno średniowiecznych z terenu Polski niż do grup zewnętrznych. Te informacje silnie wspierają wczesnej uzyskane wyniki dotyczące kontynuacji genetycznej populacji ludzkich z terenów Polski od epoki brązu aż do średniowiecza. Należy podkreślić, że uzyskane wyniki przedstawione w niniejszym doktoracie są zgodne z badaniami zespołu profesora Figlerowicza, który stwierdził między innymi, że zmienność genetyczna ludności polskiej z okresu średniowiecznych została ukształtowana w okresie poprzedzającym wędrówki ludów, a więc przed VI wiekiem naszej ery. 3/ Precyzyjnie dobrany materiał badawczy oraz

szczególne analizy modeli IBS oraz statystyk - F z uwzględnieniem danych archeologicznych i antropologicznych wskazuje, że wydzielona grupa referencyjna pochodząca ze stanowisk archeologicznych Brześcia Kujawskiego jest wiarygodną autochtoniczną grupą, którą można uznać za grupę referencyjną obejmującą zmienność genetyczną ludności tereny Polski we wczesnym średniowieczu.

Podsumowując oceniana przeze mnie praca doktorska z całą pewnością idzie z duchem czasu będąc zarazem niemal unikalnym odniesieniem do badań porównawczych z zakresu pełnogenomowych analiz populacji zamieszkujących teren Polski, które zapewne będą jeszcze prowadzone. Niniejszą rozprawę doktorską można traktować jako wzorowy schemat postępowania naukowego w badaniach zmienności genetycznej przedhistorycznych i historycznych grup ludzkich.

Uwagi i komentarze

Z obowiązku recenzenta przedstawiam poniżej swoje komentarze.

1. W pracy doktorskiej zauważyłem kilka błędów stylistycznych.
2. W tekście nie zauważyłem odniesienia do ryciny 1.
3. W wielu przypadkach cytowane prace posiadają zlepek nazwisk. Np. strona 24 (PhilipsStolarek 2017).
4. Proponowałbym aby autorka publikując w przyszłości wyniki swoich badań używała raczej określenia „grupy” aniżeli „populacje”. Dotyczy to szczególnie tych stanowisk, które posiadają niską liczebność.
5. W tabelach zawierających informacje na temat osobników pochodzących z poszczególnych badanych stanowisk archeologicznych umieszczone zostały kolumny opisane jako płeć archeologiczna i płeć antropologiczna. Uważam, że nie powinno się używać sformułowania płeć archeologiczna lecz wyraźnie wskazać, że dotyczy to określenia płci na podstawie analiz artefaktów archeologicznych. Dodatkowo w tych tabelach można było uwzględnić kolumnę zawierającą ustalenie płci na podstawie własnych badań genetycznych byłoby to bardzo ciekawe poznawczo.
6. W tabelach 5 i 8 widnieje w kolumnie - płeć antropologiczna - informacji dotycząca wieku osobników młodocianych na przykład infans II. Jest to niespójne określenie, bowiem wiek to

wiek a płeć to płeć. W takim przypadku należało by umieścić dodatkową kolumnę wiek osobnika.

7. W tabelach 6, 9 i 11 nie została zamieszczona informacja o płci antropologicznej badanych osobników. Czy było to wynikiem braku dostępu do szkieletów, a materiał do badań pochodził tylko z fragmentów kości skalistych?

8. Na stronie 79 widnieje błąd w opisie osi wymiarów. W tekście napisane jest "przeciwnie do zwrotu osi wymiaru u2 i zgodnie ze zwrotem osi wymiaru u2. W drugim przypadku oś wymiaru dotyczy zwrotu u1.

Praca jest bardzo ambitna i w zupełności wyczerpuje wybrany przez Autorkę problem badawczy, a zamieszczone w recenzji uwagi i komentarze mają charakter polemiczny i nie umniejszają mojej pozytywnej oceny recenzowanej pracy.

Podsumowując uważam że praca doktorska Pani magister Pauliny Małgorzaty Borówki wykonana w Katedrze Antropologii Instytutu Ekologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego pod opieką Pana dr. hab. prof. UŁ Wiesława Lorkiewicza jako Promotora oraz Pana dr. prof. UŁ Dominika Strapagiela jako Promotora pomocniczego spełnia warunki określone w ustawie z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki.

Praca prezentuje bardzo wysoki poziom merytoryczny i opisuje w sposób wieloaspektowy i wielopłaszczyznowy ważne z punktu widzenia nauk podstawowych w tym biologii człowieka zjawisko zmienności genetycznej oraz przepływu genów w historycznych i przedhistorycznych grupach ludzkich z uwzględnieniem danych pochodzących z takich obszarów badań jak antropologia, archeologia i historia. Ze względu na ważność problemów badawczych, nowatorskie metody pobierania próbek do badań, wzorcowe zaplecze metodologiczne oraz zastosowanie nowoczesnych wychodzących poza standardowy kanon modeli bioinformatycznych wnioskuję o dopuszczenie Pani magister Pauliny Małgorzaty Borówki do dalszych etapów przewodu doktorskiego i wnoszę o wyróżnienie przedstawionej mi do recenzji pracy doktorskiej.

