

Marek FIGLEROWICZ

Spółeczeństwo państwa Piastów – historia odczytana z DNA*

Druga połowa V wieku n.e. to okres, w którym pod naporem plemion barbarzyńskich ostatecznie upada cesarstwo zachodniorzymskie. W rezultacie w Europie powstają całkowicie nowe struktury polityczne i etniczne¹. 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 równolegle na terenach nienależących do nowo powstałej wspólnoty chrześcijańskiej. Jednym z takich wydarzeń, które ciągle wzbudza liczne kontrowersje, jest pojawienie się Słowian w Europie Środkowej. W celu jego wyjaśnienia sformułowane zostały przed wieloma laty dwie przeciwstawne hipotezy. Pierwsza hipoteza, allochtoniczna, głosi, że Słowianie przybyli do tego rejonu Europy nie wcześniej niż w VI wieku n.e.²; natomiast druga hipoteza, autochtoniczna, zakłada, że Słowianie zamieszkiwali tereny między Odrą a Wisłą na długo przed okresem wędrówek ludów³, którego początek tradycyjnie datowany jest na rok 375 n.e. (najazd Hunów na Europę), a koniec na rok 568 (podbój Italii przez Longobardów).

Zebrane dotychczas dane wskazują, że pod koniec okresu późnego neolitu, 3700–1800 p.n.e., struktury genetyczne populacji zamieszkujących

* Streszczenie wykładu wygłoszonego podczas Walnego Zgromadzenia PAU w dniu 16 marca 2024 r. Cały wykład dostępny on-line: <https://www.youtube.com/watch?v=66LZVliB6AU>

¹ C. E. G. Amorim i in., *Understanding 6th-century barbarian social organization and migration through paleogenomics*, „Nature Communications” 2018, nr 9(1), 3547.

² K. Godłowski, *The first settlements of the Slavs*, Kraków 2000.

³ J. Piontek, *The ethnogenesis of the Slavs in the light of recent anthropological studies*, „Slavia Antiqua” 2006, nr 47, s. 161–189.

Europę środkową ustabilizowały się i pozostawały w dużej mierze niezmiennie aż do końca epoki brązu, 1800–700 p.n.e.⁴ W okresie tym trzy główne komponenty tworzyły genomy mieszkańców Europy centralnej. Pierwszy komponent związany był z mezolitycznymi zachodnimi łowcami-zbieraczami, którzy przybyli do Europy około 14 tysięcy lat temu; drugi – z neolitycznymi rolnikami anatolijskimi, którzy migrowali do Europy 7–8 tysięcy lat temu; trzeci – z pasterzami znad Morza Kaspijskiego i Morza Czarnego (kultura grobów jamowych), którzy rozprzestrzenili się w Europie 4–5 tysięcy lat temu.

Zagadnienia związane z późniejszym kształtowaniem się historii genetycznej środkowo-wschodniej Europy przez lata pozostawały kwestią otwartą, głównie ze względu na brak odpowiedniego materiału do badań archeogenomicznych. Kremacja zmarłych była bowiem powszechnym w tym rejonie obrządkiem pogrzebowym od około 1700 r. p.n.e. aż do średniowiecza. Aby rozwiązać ten problem, wykorzystaliśmy fakt, że w pierwszych wiekach n.e. na terenach współczesnej Polski inhumacja (grzebanie zwłok) stała się dominującą praktyką pogrzebową wśród ludności związanej z kulturą wielbarską⁵. Kultura ta występowała w dorzeczu Wisły między I a V wiekiem n.e. Większość teorii łączy jej powstanie z migracją północnych ludów zwanych potocznie Gotami. Dotychczasowe badania archeologiczne wskazują, że do V wieku n.e. imigranci z północy żyli obok praktykującej kremację ludności lokalnej związanej z wcześniej powstałą kulturą przeworską. Końcowy etap współistnienia kultur wielbarskiej i przeworskiej na terenach obecnej Polski przypadł na okres wędrówek ludów. Po jego zakończeniu kultura materialna na tym terenie stała się bardziej jednorodna, a archeolodzy powszechnie utożsamiają je ze Słowianami, którzy nadal praktykowali kremację zmarłych aż do chrztu pierwszej polskiej dynastii rządzącej, który miał miejsce w 966 r. n.e.

Biorąc pod uwagę powyższe fakty, postanowiliśmy skoncentrować nasze badania na dwóch populacjach, które w przeszłości zamieszkiwały obszar współczesnej Polski. Pierwszą populację tworzyli przedstawiciele kultury wielbarskiej, drugą – reprezentanci społeczeństwa państwa Piastów. Łącznie badania objęły 474 osoby pochowane na 27 cmentarzyskach. Dla większości z nich pozyskaliśmy dane dotyczące genomu mitochondrialnego (przekazywanego wszystkim potomkom przez matkę), a dla mężczyzn także

⁴ I. Lazaridis i in., *Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans*, „Nature” 2014, nr 513(7518), s. 409–413.

⁵ 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.

chromosomu Y (przekazywanego jedynie w linii męskiej z ojca na syna). Dla 197 osobników uzyskaliśmy także dane całogenomowe, które dały podstawę do wykonania badań populacyjnych wykorzystujących zaawansowane metody bioinformatyczne i statystyczne.

Przeprowadzone analizy potwierdziły wcześniejsze przypuszczenia archeologów, wykazały bowiem, że populacje związane z kulturą wielbarską tworzyli imigranci z północy. Zebrane dane pozwalają sądzić, że przybylsze z Półwyspu Jutlandzkiego lub Skandynawii pojawili się w rejonie ujścia Wisły najprawdopodobniej na początku pierwszego tysiąclecia naszej ery. Zaczęli mieszać się z ludnością lokalną i rozprzestrzeniać początkowo głównie wzdłuż Wisły, a następnie Bugu. Dodatkowo nasze badania ujawniły, iż w obrębie grup związanych z kulturą wielbarską imigrantami byli głównie mężczyźni, podczas gdy kobiety miały pochodzenie lokalne. Obserwowany schemat migracji (zakładający, iż osobami opuszczającymi swoje rodzinne strony są głównie mężczyźni) uznać należy za typowy, gdyż był wielokrotnie obserwowany zarówno w przeszłości, jak i w naszych czasach. Taki typowy schemat migracyjny oznacza również, że genomy dzieci imigrantów i autochtonów już w pierwszym pokoleniu zawierały 50% lokalnych komponentów genetycznych (połowa genomu pochodzi od matki, połowa od ojca). 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% genomu. W czwartym pokoleniu odsetek ten przekraczał już 90% genomu. Mogliśmy zatem przyjąć, iż badając DNA członków populacji utworzonej w pierwszym wieku przez imigrantów z północy i lokalne kobiety, a następnie czerpiącej głównie z miejscowych zasobów genetycznych, poznawaliśmy *de facto* głównie strukturę genetyczną ludności lokalnej. Co ciekawe, nasze analizy wykazały, że populacje zamieszkujące w okresie rzymskim tereny współczesnej Danii, północnych Niemiec, Polski, a zapewne także Litwy oraz Łotwy, miały podobną strukturę genetyczną. Oznacza to, że genomy ludzi zamieszkujących wspomniane obszary zbudowane były z tych samych komponentów. Jedyne, co się zmieniało, to proporcje pomiędzy 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 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 8.–9. pokolenie potomków imigrantów z północy oraz autochtonów. Ich genomy były więc prawie identyczne z genomami lokalnej ludności. Jedyne, co ich wyraźnie różniło, to przekazywany wyłącznie w linii męskiej chromosom Y. Przedstawione wyniki są zatem zgodne z hipotezą zakładającą genetyczną kontynuację w pierwszym tysiącleciu n.e. na obszarze środkowo-wschodniej Europy.

Można zatem stwierdzić, że w całym pierwszym tysiącleciu n.e., to jest 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 przez całe pierwsze tysiąclecie n.e. kultywowała kremację jako podstawowy obrządek pogrzebowy. W przypadku lokalnych kobiet nie doszło do żadnych istotnych zmian genetycznych w całym pierwszym milenium, nie przybyły one z imigrantami, były zawsze pochodzenia lokalnego. W przypadku lokalnych mężczyzn sytuacja wydaje się nieco bardziej skomplikowana. Generalnie ich genomy niewiele różniły się od genomów przybyszów z północy, wyjątek stanowił chromosom Y, który posiadają wyłącznie mężczyźni i zawsze dziedziczą go po ojcu. Oznacza to, że linie męskie przybyszów z północy były inne niż ludności lokalnej. Na podstawie zebranych danych można zatem wnosić, iż populacje związane z kulturą wielbarską tworzyli imigranci z północy oraz kobiety lokalne. Ze względu na obowiązujący wówczas niezwykle silny patriarchalny system społeczny, populacje te były zamknięte na lokalnych mężczyzn. Nic zatem dziwnego, że w przypadku badanych mężczyzn z okresu rzymskiego (imigranci z północy) dominują typowe północne haplogrupy chromosomu Y (I, II). W miejscu tym 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 różniący imigrantów od ludności lokalnej, zaczęły być stopniowo zastępowane przez lokalne chromosomy Y (R1a). Nic zatem dziwnego, że od momentu, gdy imigranci 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 pozycję dominującą

mogły utrzymać jedynie w obrębie grup tworzonych przez imigrantów. Niestety, ze względu na panujący obrządek pogrzebowy (kremacja), nie sposób jednoznacznie dowiedzieć, jaka haplogrupa chromosomu Y dominowała wśród ludności lokalnej w pierwszych wiekach n.e. Pojawianie się w obrębie społeczności kultury wielbarskiej haplogrup R1a, a więc haplogrup chromosomu Y 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 dominowała w populacji lokalnej zarówno na początku, jak i na końcu pierwszego tysiąclecia n.e. 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 oznacza 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.

Bardziej szczegółowe informacje dotyczące procesów demograficznych zachodzących w pierwszym tysiącleciu naszej ery na terenie współczesnej Polski przedstawione zostały w pracy zatytułowanej *Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE*, opublikowanej w 2023 r. na łamach czasopisma „Genome Biology”⁶. Wierzmy, iż artykuł ten stanowi punkt zwrotny w trwającej ponad 200 lat, gorącej dyskusji toczącej się wokół najbardziej zasadniczych kwestii związanych z pochodzeniem Słowian zachodnich, w tym społeczeństwa państwa Piastów.

⁶ I. Stolarek, M. Zeńczak, L. Hsenschuh, A. Juras, M. Marcinkowska-Swojak, A. Spinek, A. Dębski, M. Matla, H. Kocka-Krenz, J. Piontek, M. Figlerowicz, *Genetic history of East-Central Europe in the first millennium CE*, „Genome Biology” 2023, nr 24(1) (Jul 24), 173.