

**Załącznik 3**

**Autoreferat**

**dr inż. Anna Juras**

**Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu**

**Kwiecień 2023**

## **1. Imię i nazwisko**

Anna Juras

## **2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej**

- 2012 - doktor nauk biologicznych, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Tytuł pracy: *Etnogeneza Słowian w świetle badań kopalnego DNA*. Promotor pracy: Prof. dr hab. Janusz Piontek
- 2011 - magister biologii o specjalności biologia człowieka, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu. Tytuł pracy: *Charakterystyka antropologiczna średniowiecznych mieszkańców miasta Sandomierz*. Promotor pracy: Prof. dr hab. Janusz Piontek
- 2006 - magister inżynier biotechnologii, Wydział Rolniczy, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu. Tytuł pracy: *Badanie skuteczności działania konserwantów w wybranych preparatach farmaceutycznych*. Promotor pracy: Prof. dr hab. Włodzimierz Grajek

## **3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych**

- 2012 – obecnie, adiunkt w Instytucie Biologii i Ewolucji Człowieka na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu

## **4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. z 2021 r. poz. 478 z późn. zm.). Omówienie to winno dotyczyć merytorycznego ujęcia przedmiotowych osiągnięć, jak i w sposób precyzyjny określać indywidualny wkład w ich powstanie, w przypadku, gdy dane osiągnięcie jest dziełem współautorskim, z uwzględnieniem możliwości wskazywania dorobku z okresu całej kariery zawodowej.**

### **4.1. Tytuł osiągnięcia naukowego**

*Pochodzenie, migracje i relacje pokrewieństwa w populacjach ludzkich z Centralnej i Wschodniej Europy na podstawie badań kopalnych genomów mitochondrialnych*

#### 4.2. Publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego

- [O1] **Juras A.**, Chyleński M., Ehler E., Malmström H., Żurkiewicz D., Włodarczak P., Wilk S., Peška J., Fojtík P., Králík M., Libera J., Bagińska J., Tunia K., Klochko V., Dabert M., Jakobsson M., Koško A.: Mitochondrial genomes reveal an east to west cline of steppe ancestry in Corded Ware populations, *Scientific Reports*, Nature Publishing Group, vol. 8, nr 1, 2018, s. 1-10. DOI:10.1038/s41598-018-29914-5

IF<sub>2018</sub>: **4,011 (Q1)** MEiN<sub>2018</sub>: **40** MEiN<sub>2022</sub>: **140** Cytowania: **14** CiteScore Percentile: **93**  
Autor korespondencyjny i koordynator badań: **Juras A.**

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu koncepcji badań i przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, udziale w analizie wyników sekwencjonowania wysokoprzepustowego, wykonaniu analizy mtDNA wraz z wyznaczeniem haplotypów, koordynacji i udziale w badaniach z zakresu genetyki populacyjnej, doborze populacji referencyjnych, interpretacji wyników, przygotowaniu pierwszej wersji manuskryptu, który był następnie recenzowany przez pozostałych współautorów. Badania były wykonane w ramach projektu NPRH (12H 13 0556 82), w którym koordynowałam część dotyczącą analiz aDNA.*

- [O2] **Juras A.**, Ehler E., Chyleński M., Pospieszny Ł., Spinek A., Malmström H., Krzewińska M., Szostek K., Pasterkiewicz W., Florek M., Wilk S., Mnich B., Kruk J., Szmyt M., Kozieł S., Anders G., Jakobsson M., Dabert M.: Maternal genetic origin of the late and final Neolithic human populations from present-day Poland, *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 176, nr 2, 2021, s. 223-236. DOI:10.1002/ajpa.24372

IF<sub>2021</sub>: **2,963 (Q1)** MEiN<sub>2021</sub>: **140** Cytowania: **0** CiteScore Percentile: **96**  
Autor korespondencyjny i koordynator badań: **Juras A.**

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu koncepcji badań, udziale w pobieraniu materiałów kostnych do analiz aDNA, przeprowadzeniu badań laboratoryjnych, udziale w analizie wyników sekwencjonowania wysokoprzepustowego, wykonaniu analiz mtDNA wraz z wyznaczeniem haplotypów, koordynacji i udziale w badaniach z zakresu genetyki populacyjnej, doborze populacji referencyjnych, interpretacji wyników oraz przygotowaniu pierwszej wersji manuskryptu, który był następnie recenzowany przez pozostałych współautorów.*

- [O3] **Juras A.**, Makarowicz P., Chyleński M., Ehler E., Malmström H., Krzewińska M., Pospieszny Ł., Górski J., Taras H., Anita S., Polańska M., Włodarczak P., Szyca A., Lasota-Kuś A., Wójcik I., Jakobsson M., Dabert M.: Mitochondrial genomes from Bronze Age Poland reveal genetic continuity from the Late Neolithic and additional genetic affinities with the steppe populations, *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 172, nr 2, 2020, s. 176-188. DOI: 10.1002/ajpa.24057

IF<sub>2020</sub>: **2,868 (Q1)** MEiN<sub>2020</sub>: **140** Cytowania: **6** CiteScore Percentile: **96**  
Autor korespondencyjny i koordynator badań: **Juras A.**

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu koncepcji badań molekularnych, udziale w pobieraniu materiałów kostnych do analiz aDNA, przeprowadzeniu większości badań laboratoryjnych, udziale w analizie wyników sekwencjonowania wysokoprzepustowego, wykonaniu analiz mtDNA wraz z wyznaczeniem haplotypów. koordynacji i udziale w badaniach*

*z zakresu genetyki populacyjnej, doborze populacji referencyjnych, interpretacji wyników oraz przygotowaniu pierwszej wersji manuskryptu, który był następnie recenzowany przez pozostałych współautorów. Badania były finansowane z projektu NCN OPUS (2015/17/B/HS3/00114), w którym koordynowałam część dotyczącą badań aDNA.*

- [O4] Juras A.,** Krzewińska M., Nikitin A., Ehler E., Chyleński M., Łukasik S., Krenz-Niedbała M., Sinika V., Piontek J., Ivanova S., Dabert M., Götherström A.: Diverse origin of mitochondrial lineages in Iron Age Black Sea Scythians, *Scientific Reports*, Nature Publishing Group, vol. 7, 2017, s. 1-10. DOI:10.1038/srep43950

IF<sub>2017</sub> : **4,122 (Q1)** MEiN<sub>2017</sub>: **40** MEiN<sub>2022</sub>: **140** Cytowania: **18** CiteScore Percentile: **93**  
 Autor korespondencyjny i koordynator badań: **Juras A.**

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu koncepcji i planu badań molekularnych, przeprowadzeniu większości analiz laboratoryjnych, udziale w analizie wyników sekwencjonowania wysokoprzepustowego, wykonaniu analizy mtDNA wraz z wyznaczeniem haplotypów, koordynowaniu i udziale w badaniach z zakresu genetyki populacyjnej, doborze populacji referencyjnych, interpretacji wyników i przygotowaniu pierwszej wersji manuskryptu, który był następnie recenzowany przez pozostałych współautorów.*

- [O5] Juras A.,** Chyleński M., Krenz-Niedbała M., Malmström H., Ehler E., Pospieszny Ł., Łukasik S., Bednarczyk J., Piontek J., Jakobsson M., Dabert M.: Investigating kinship of Neolithic post-LBK human remains from Krusza Zamkowa, Poland using ancient DNA, *Forensic Science International-Genetics*, vol. 26, 2017, s. 30-39. DOI:10.1016/j.fsigen.2016.10.008

IF<sub>2017</sub> : **5,637 (Q1)** MEiN<sub>2017</sub>: **45** MEiN<sub>2022</sub>: **140** Cytowania: **12** CiteScore Percentile: **93**  
 Autor korespondencyjny i koordynator badań: **Juras A.**

*Mój wkład w powstanie tej pracy polegał na przygotowaniu koncepcji badań molekularnych i przeprowadzeniu analiz laboratoryjnych, we współudziale mgr Macieja Chyleńskiego (ówczesnego doktoranta, dla którego byłam promotorem pomocniczym), udziale w analizie wyników sekwencjonowania wysokoprzepustowego, wykonaniu analizy mtDNA wraz z wyznaczeniem haplotypów oraz analizy SNP genomu jądrowego, interpretacji wyników oraz przygotowaniu pierwszej wersji manuskryptu, który był następnie recenzowany przez pozostałych współautorów.*

### **4.3. Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania**

*(w opisie zastosowałam klasyczne odniesienia do literatury oraz skróty odnoszące się do publikacji wchodzących w skład osiągnięcia naukowego (O), pozostałych publikacji (D) oraz projektów grantowych (P). Szczegóły dotyczące poszczególnych pozycji opisanych ww. skrótami znajdują się w p. 4.2 oraz w załączniku 4)*

#### **Cel naukowy**

Na moje osiągnięcie habilitacyjne składa się ciąg pięciu prac naukowych, w których opublikowałam wyniki analiz kopalnego DNA (z ang. ancient DNA; aDNA) populacji pradziejowych z Centralnej i Wschodniej Europy, datowanych na okres od neolitu do epoki żelaza (ok. 4200 lat p.n.e. – 200 lat p.n.e.). Badania aDNA wyizolowanego z materiałów kostnych dają możliwość bezpośredniego

wglądu w strukturę genetyczną dawnych społeczności i wraz z danymi archeologicznymi, analizami morfologicznymi szkieletów, czy oznaczeniami izotopowymi, w tym datowaniem  $^{14}\text{C}$ , pokazują obraz tego, jakim przemianom demograficznym i procesom podlegały dawne populacje ludzkie. Celem badań przedstawionych w ramach mojego osiągnięcia habilitacyjnego było określenie zróżnicowania i pochodzenia linii żeńskich oraz wpływu migracji na strukturę genetyczną dawnych społeczności ludzkich z Centralnej i Wschodniej Europy na podstawie analizy kopalnych genomów mitochondrialnych. Istotnym elementem analiz były badania pokrewieństwa biologicznego, szczególnie w pochówkach zbiorowych, ponieważ te dane pozwalają stawiać hipotezy na temat struktury społecznej pradziejowych populacji ludzkich.

### **Aspekty metodologiczne badań**

Analizy aDNA stanowią spore wyzwanie metodologiczne, co wynika głównie z faktu, że kopalny materiał genetyczny jest silnie zdegradowany. Jest to związane nie tylko z pośmiertnym działaniem enzymów nukleolitycznych, katalizujących procesy hydrolizy DNA, a co za tym idzie, jego fragmentacji, ale również wpływem czynników fizykochemicznych środowiska, w którym zdeponowane były szczątki. To drugie ma działanie degradujące i modyfikujące zasady DNA, co w efekcie powoduje, że średnia długość fragmentów aDNA wynosi od 40 do 80 par zasad, a jego ilość, zależna od rodzaju i pochodzenia badanych materiałów, wynosi średnio od 1% do 5% całkowitego wyizolowanego DNA. Pozostała frakcja materiału genetycznego, to zwykle fragmenty pochodzenia mikrobiologicznego, głównie związane z bakteriami środowiskowymi. Poziom ludzkiego endogennego DNA poniżej 1%, wyklucza próbę z dalszych analiz. Stąd liczebność osobników w badaniach aDNA bywa znacznie niższa niż w przypadku analiz współczesnych populacji ludzkich. Powyższe cechy, oraz fakt, że materiał kostny podatny jest na zanieczyszczenia współczesnym, egzogennym DNA, powoduje że praca z aDNA, a w szczególności jej początkowe etapy wymagają specyficznych warunków laboratoryjnych. Dlatego też, swoje **badania rozpocząłam od stworzenia specjalnie zaprojektowanego, pod kątem aDNA, sterylnego laboratorium, które od 2012 roku znajduje się w Instytucie Biologii i Ewolucji Człowieka na Wydziale Biologii UAM.**

**Wyniki wszystkich prezentowanych przeze mnie prac zostały zweryfikowane pod kątem autentyczności otrzymanych sekwencji aDNA.** W tym celu zostały wykorzystane zaawansowane metody bioinformatyczne, np. narzędzie mapDamage (Jonsson i in. 2013), bazujące na analizie materiału genetycznego pod kątem długości fragmentów oraz określeniu ilości sekwencji, które posiadają na swoich końcach, charakterystyczne dla aDNA, modyfikacje w postaci tranzykcji C na T (koniec 5') i G na A (koniec 3'). Poziom ewentualnych zanieczyszczeń współczesnym DNA określałam poprzez zastosowanie metod opierających się na analizie heterozygotyczności tj. Schmutzi (Renaud i in.2015) lub contaMix (Fu et al., 2013).

Badania prezentowane w pracach składających się na moje osiągnięcie habilitacyjne opierają się przede wszystkim na rekonstrukcji historii genetycznej linii żeńskich na podstawie analiz kopalnego mitochondrialnego DNA (mtDNA). Marker ten wykorzystywany jest w badaniach populacyjnych ze względu na wysokie tempo substytucji, dziedziczenie w liniach matczyńskich i brak rekombinacji. Poszczególne genomy mitochondrialne (haplotypy), przynależą do haplogrup mtDNA, co określa się na podstawie obecności charakterystycznych mutacji punktowych (SNP), które zlokalizowane są w obrębie regionu kontrolnego i kodującego mtDNA. W swoich pracach wykorzystywałam m.in. takie narzędzia, jak PhyloTree (van Oven i in. 2014) i Mitomaster (Lott i in. 2013) do precyzyjnego wyznaczania haplogrup mtDNA. Genomy mitochondrialne wykazują zróżnicowanie filogeograficzne, co oznacza, że na podstawie częstości haplogrup oraz analizy wspólnych haplotypów można rekonstruować relacje genetyczne między populacjami ludzkimi pochodzącymi z różnych regionów geograficznych.

W przypadku materiałów kostnych szansa wyizolowania mtDNA jest znacznie większa niż jądrowego materiału genetycznego, co wynika z obecności dużej liczby kopii mtDNA w komórkach. Dzięki temu do badań mogłam włączyć większą liczbę materiałów szkieletowych, co jest istotne z punktu widzenia analiz populacyjnych. Kopalne genomy mitochondrialne otrzymywałam dwoma metodami. Pierwsza obejmowała tworzenie bibliotek genomowych, a następnie ich bezpośrednie sekwencjonowanie typu *shotgun* na platformie wysokoprzepustowej. W przypadku bardzo dobrze zachowanych materiałów, już po pierwszym sekwencjonowaniu można było uzyskać pokrycie genomów mitochondrialnych powyżej 5x, co pozwalało na włączenie prób do analiz populacyjnych. Jednak w większości przypadków uzyskiwany poziom pokrycia mtDNA był niewystarczający. Aby obniżyć koszty analiz i zwiększyć efektywność otrzymania genomów mitochondrialnych, zastosowałam drugie podejście opierające na wykorzystaniu ukierunkowanego wzbogacania prób w mtDNA. Metoda ta, polega na użyciu określonych przynęt (sond) molekularnych, które hybrydują wyłącznie z wybranymi fragmentami DNA. To drugie podejście połączone z sekwencjonowaniem wysokoprzepustowym pozwala na znaczące zwiększenie frakcji mtDNA obecnego w bibliotekach genomowych. Początkowo w badaniach stosowałam komercyjnie zsyntetyzowane przynęty RNA, a później również w ramach prowadzonego przeze mnie projektu (**P5**, załącznik 4) używałam własnych sond skonstruowanych w oparciu o transkrypcję *in vitro* współczesnych fragmentów mtDNA.

Analizy z zakresu genetyki populacyjnej, które wykorzystywałam w moich pracach opierały się na zastosowaniu metod bazujących na częstościach haplogrup mtDNA tj. analiza składowych głównych (PCA), połączona z grupowaniem metodą k-średnich, stochastyczna metoda porządkowania sąsiadów w oparciu o rozkład (z ang. t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding; t-SNE) i analiza wspólnych haplogrup (SHD). Z kolei pełne genomy mitochondrialne były podstawą do przeprowadzenia analiz wspólnych haplotypów, kalkulacji odległości genetycznych  $F_{ST}$ , których macierz wartości była podstawą do skalowania wielowymiarowego (MDS) oraz analizy zróżnicowania wewnątrz- i międzypopulacyjnego na poziomie molekularnym (AMOVA). Wykonywana była także analiza sieci haplotypów w obrębie wybranych haplogrup mtDNA (Network).

## Osiągnięte wyniki

Badania DNA pokazują, że pula genetyczna współczesnych Europejczyków była kształtowana przez szereg zjawisk demograficznych, jakie miały miejsce w przeszłości. We współczesnych genomach europejskich można zidentyfikować trzy dominujące komponenty genetyczne. Pierwszy z nich - pochodzenia łowiecko-zbierackiego, odziedziczony jest po przodkach, którzy zasiedlali Europę w okresie paleolitu i mezolitu. Drugi, to komponent genetyczny pochodzący od ludzi, którzy pojawili się w Europie na skutek tzw. rewolucji neolitycznej, czyli przejścia z dotychczasowego łowiecko-zbierackiego stylu życia na osiadły i rolniczy, oparty na hodowli zwierząt i roślin. Ok. 7000 lat p.n.e. rolnictwo zaczęło rozprzestrzeniać się z terenu Bliskiego Wschodu w kierunku zachodnim i wschodnim, a wraz z nim migrowały całe rodziny rolników, wędrując wzdłuż wybrzeży morza Śródziemnego oraz przez Bałkany w kierunku północnym, docierając również do terenów współczesnej Polski. Z kolei trzeci komponent w genomach Europejczyków pochodzi od ludności prowadzącej pasterski styl życia, która w okresie wczesnego brązu zasiedlała stepy w regionie pontyjsko-kaspijskim. Około 3000-2800 lat p.n.e. populacje te miały migrować m.in. w kierunku Europy zachodniej, a wędrowka ta okazała się na tyle istotna, że tzw. „komponent genetyczny pochodzenia stepowego” nadal jest obecny w genomach większości populacji europejskich.

Wędrowka ze stepów była przedmiotem badań pierwszej z prac składających się na moje osiągnięcie habilitacyjne (**O1**). **Celem analiz było określenie wpływu migracji ludności z regionu pontyjsko-kaspijskiego na strukturę genetyczną linii żeńskich w populacjach zasiedlających Centralną Europę.** Teren współczesnej Polski był miejscem, do którego miały przybyć pierwsze



pokolenia migrantów z regionu pontyjsko-kaspijskiego. Pod względem archeologicznym populacje te miały być związane z tzw. kulturą grobów jamowych, która w okresie 3300-2800 lat p.n.e. dominowała na stepach. Ludność ze stepów miała wziąć istotny udział w formowaniu się późno-neolitycznych/wczesno-brązowych populacji związanych z tzw. kulturą ceramiki sznurowej, która obecna była w centralnej i zachodniej Europie w okresie ok. 2800-2300 lat p.n.e. Choć badania kopalnych genomów jądrowych opublikowane w 2015 roku potwierdziły migrację ze stepu (Haak i in. 2015, Allentoft i in. 2015), głównie mężczyzn (Goldberg i in. 2017), to jednak problem ten nie był rozpoznany na poziomie linii żeńskich, szczególnie tych z regionu współczesnej Polski. Dlatego **do analiz aDNA po raz pierwszy włączyłam populacje ludzkie z regionu południowo-wschodniej Polski powiązane z kulturą ceramiki sznurowej.** Ponadto, dzięki mojej współpracy z Wydziałem Archeologii UAM, który prowadził szereg ekspedycji archeologicznych na Ukrainie i współpracy w ramach projektu **P11** (załącznik 4, p.2.9), uzyskałam dostęp do materiału kostnego z północno-zachodniego regionu pontyjskiego, który datowany był na okres od późnego eneolitu do późnej epoki brązu (3350-1100 lat p.n.e.) i powiązany był z kulturami: grobów jamowych (3100/3050-2800 lat p.n.e.), katakumbową (2600-2200 lat p.n.e.), babino (2200-1700/1600 lat p.n.e.) i noua (1600-1200/1100 lat p.n.e.). Badania genetyczne przeprowadziłam w sumie dla 45 osobników, natomiast kompletne kopalne genomy mitochondrialne uzyskałam dla 23 z nich. Na potrzeby badań podzieliłam populację związaną z kulturą ceramiki sznurowej na grupę wschodnią, do której włączyłam osobniki z Polski i Czech, zachodnią, w której znalazły się już wcześniej opublikowane genomy mitochondrialne głównie z Niemiec oraz bałtycką obejmującą próby z Litwy, Łotwy i Estonii. Na podstawie przeprowadzonych badań, **potwierdziłam migrację ze stepu oraz dostarczyłam danych wskazujących na istnienie gradientu w postaci malejącego udziału linii żeńskich pochodzenia stepowego w populacjach zachodnio-europejskich powiązanych z kulturą ceramiki sznurowej.** Oznaczało to, że im dalej od stepu tym udział miejscowej ludności, o podłożu genetycznym związanym z neolitycznymi rolnikami, był większy, a udział komponentów stepowych mniejszy. **Wskazałam również, że w migracji ze stepu uczestniczyli nie tylko mężczyźni, jak pokazywały to wcześniejsze badania** (Goldberg i in. 2017), **ale także kobiety** (choć w mniejszym stopniu), co szczególnie widoczne było w grupie wschodniej związanej z kulturą ceramiki sznurowej. Ponadto, **wytypowałam haplogrupy mtDNA tj. U4c1, U4a2f, czy U5a1, które mogły pochodzić ze stepu pontyjsko-kaspijskiego.** Z kolei haplogrupy U4 i U5a mtDNA wykazywały ciągłość genetyczną na samych stepach, przynajmniej od okresu brązu aż do żelaza. Poza tym, **po raz pierwszy zidentyfikowałam w populacjach pradziejowych haplogrupę X4 mtDNA, do której należały dwa osobniki związane z kulturą katakumbową.** Haplogrupa X4 mtDNA jest niezwykle rzadka nawet we współczesnych populacjach ludzkich i została zidentyfikowana wyłącznie u pojedynczych osobników z Centralnej Europy, Bałkanów, Armenii i Anatolii.

Przedmiotem badań kolejnej mojej pracy (**O2**) były pradziejowe populacje ludzkie, które zasiedlały teren współczesnej Polski przed, w trakcie i po migracji ze stepów. **Celem analiz było określenie relacji genetycznych pomiędzy grupami ludzkimi datowanymi na okres od środkowego do schyłkowego neolitu (3850-2300 lat p.n.e.) oraz identyfikacja ewentualnych wpływów ze stepu na strukturę genetyczną badanych populacji.** Do analiz włączyłam serie unikatowych materiałów szkieletowych z Polski, które były powiązane z kulturami archeologicznymi, takimi jak kultura pucharów lejkowatych (3850-2850 lat p.n.e.), kultura amfor kulistych (3300-2700 lat p.n.e.), kultura złocka oraz wcześniej już wspomniana kultura ceramiki sznurowej (populacja poszerzona o nowe osobniki). Warto tu podkreślić, że w tej pracy **po raz pierwszy dostarczyłam danych genetycznych dla populacji związanych z kulturą pucharów lejkowatych z Polski.** Populacje wywodzące się z tej kultury egzystowały współcześnie z grupami ludzkimi związanymi z kulturą amfor kulistych, które z kolei obecne były na terenie Polski na krótko przed migracją populacji pasterskich ze stepu pontyjsko-

kaspijskiego lub równoległe to tego wydarzenia. Dokładny czas tej migracji nie jest znany. Podobnie ludność związana z kulturą złocką, współegzystowała częściowo z kulturą amfor kulistych i potem również z kulturą ceramiki sznurowej. Kultura złocka uważana jest przez archeologów jako lokalny fenomen, posiadający cechy kultury materialnej charakterystyczne zarówno dla kultury amfor kulistych, jak i kultury ceramiki sznurowej. Pomimo istnienia kontaktów kulturowych pomiędzy wszystkimi wyżej wymienionymi grupami ludzkimi, ich wzajemne relacje genetyczne nie były wcześniej zbadane. Dlatego przeprowadziłam analizy mtDNA dla 125 osobników, uzyskując kopalne genomy mitochondrialne dla 86 z nich. Na podstawie uzyskanych wyników **wykazałam, że populacje środkowo i późno-neolityczne były sobie bliskie pod względem genetycznym z wyjątkiem populacji związanej z kulturą ceramiki sznurowej, która miała bliższe relacje genetyczne na poziomie linii żeńskich z grupami ludzkimi ze stepu pontyjsko-kaspijskiego.** Potwierdza to jednocześnie wyniki analiz poprzedniej pracy (O1) i wspiera teorię mówiącą o dominującym udziale populacji ze stepów w formowaniu populacji związanej z kulturą ceramiki sznurowej. Ponadto w tej pracy **określiłam, że haplogrupy U4 mtDNA obecne są wyłącznie w populacjach związanych z kulturą ceramiki sznurowej, co może potwierdzać jej stepowe pochodzenie.** U4 była tam drugą najczęstszą haplogrupą mtDNA. Potencjalne stepowe pochodzenie tej haplogrupy potwierdziłam również na podstawie analizy sieci haplotypów (Network), w której uwzględniłam wszystkie dane odnośnie zróżnicowania U4 w populacjach pradziejowych, jakie były dostępne do momentu opracowania publikacji. Ponadto, na bazie otrzymanych wyników, **wskazałam bliską odległość genetyczną pomiędzy grupami związanymi z kulturą amfor kulistych i kulturą złocką, co może sugerować, że ludzie powiązani z kulturą złocką byli, na poziomie linii żeńskich, częścią populacji związanych z kulturą amfor kulistych lub obie populacje wywodziły się ze wspólnego linii genetycznych.** Jednocześnie grupy związane z kulturą amfor kulistych i kulturą złocką nie wykazywały bliskich relacji genetycznych z populacjami ze stepu, co świadczy o tym, że kontakty między tymi grupami miały charakter głównie kulturowy, a nie genetyczny. Było to zgodne z wcześniejszymi badaniami aDNA przeprowadzonymi przez inne zespoły badawcze dla kilkunastu osobników związanych z kulturą amfor kulistych z Polski (Fernandes i in. 2018; Schroeder i in. 2019; Tassi i in. 2017). Poza tym, **wykazałam, że populacje związane z kulturą amfor kulistych, kulturą złocką i kulturą pucharów lejkowatych były bliskie pod względem genetycznym i przeważała w nich obecność haplogrup mtDNA charakterystycznych dla neolitycznych rolników.** To potwierdza istnienie ciągłości genetycznej pewnych linii żeńskich od początku do końca neolitu na terenie Polski. Z drugiej strony **zidentyfikowałam haplogrupy U5b mtDNA w populacjach związanych z kulturą amfor kulistych i kulturą pucharów lejkowatych,** co wskazuje na stopniowy napływ haplogrup pochodzenia łowiecko-zbierackiego. Byłam współautorem badań, w których podobne wnioski wyciągnęliśmy z analiz aDNA populacji wczesno-neolitycznych z Polski (Chyleński i in. 2017, załącznik 4, D13). Oznacza to, że neolityczni rolnicy, po przybyciu na tereny współczesnej Polski, nie wyparli całkowicie populacji łowiecko-zbierackich, a raczej dochodziło między nimi do admiksji. Zjawisko to zachodziło w niektórych regionach Europy i zostało potwierdzone analizami kopalnych genomów jądrowych (González-Fortes i in. 2017; Fernandes i in. 2018; Davy i in. 2022).

Tematem trzeciej pracy (O3) była, **pierwsza dla wiedzy analiza zróżnicowania genetycznego populacji ludzkich z okresu brązu z terenu współczesnej Polski,** w poszukiwaniu ewentualnej ciągłości genetycznej pomiędzy okresem neolitu i brązu na poziomie linii żeńskich. Dzięki udziałowi w projekcie P9 (załącznik 4, w p.2.9) przeprowadziłam badania aDNA na materiale kostnym należącym do populacji ludzkich datowanych na okres ok. 2400-1100 lat p.n.e., z Polski, które związane były z kulturami: mierzanowicką (2400/2350-1600 lat p.n.e.; MCC), strzyżowską (2000-1600 lat p.n.e.; STC) i trzcinieckim kręgiem kulturowym (1850/1800-1100 lat p.n.e.; TCC). Populacje związane z kulturą ceramiki sznurowej, które pojawiły się wraz z migracjami ze stepu we wczesnym okresie brązu (co



potwierdzają wyniki badań w pracach **O1** i **O2**), były stopniowo zastępowane przez pojawiające się w środkowym brązie populacje związane z kulturą mierzanowicką i strzyżowską, a następnie trzcinieckim kręgiem kulturowym, co szczególnie widoczne było na terenie obecnej południowo-wschodniej Polski. **Zatem celem moich badań była odpowiedź na pytanie, czy zmiany zachodzące w kulturze materialnej w okresie brązu były również widoczne na poziomie genetycznym i czy mogły być one indukowane przemieszczaniem się ludności, w tym późniejszymi migracjami ze stepu.** Badania aDNA przeprowadziłam dla 142 osobników uzyskując pełne kopalne genomy mitochondrialne dla 80 z nich. Na podstawie analiz mtDNA, **wskazałam, że populacja związana z kulturą strzyżowską była bardziej odległa genetycznie od ludności związanej z kulturą ceramiki sznurowej niż populacje związane z kulturą mierzanowicką i trzcinieckim kręgiem kulturowym.** To z kolei oznaczało, że prawdopodobnie populacje związane z kulturami: mierzanowicką i ceramiki sznurowej oraz trzcinieckim kręgiem kulturowym wywodzą się z podobnych linii genetycznych. Co więcej **określiłam, że ludność związana z kulturą mierzanowicką i trzcinieckim kręgiem kulturowym była bliska pod względem genetycznym nie tylko w stosunku do siebie i ludności związanej z kulturą ceramiki sznurowej, ale również do populacji z okresu brązu, które dominowały w innych częściach Polski i Europy** tj. ludności związanej z kulturą unietycką, kulturą pucharów dzwonowatych, czy populacjami brązowymi z terenów Bałkan. Ponadto, **zidentyfikowałam wysoką częstość haplogrupy U5a w populacji związanej z kulturą strzyżowską** (choć grupa reprezentowana była przez małą liczbę osobników). Haplogrupa U5a obecna była wcześniej również w populacjach związanych z kulturą jamową (**O1**; Haak i in. 2015, Allentoft i in. 2015) oraz u Scytów zasiedlających stepy regionu pontyjskiego w okresie żelaza (szczegóły w pracy **O4**). Tym samym **potwierdziłam ciągłość genetyczną linii U5a mtDNA na stepach przynajmniej od okresu brązu do żelaza.** Ze względu na **niejednoznaczne tło kultury strzyżowskiej, zaproponowałam dwie hipotezy dotyczące pochodzenia populacji ludzkiej z nią związanej.** Obie zakładały udział ludności ze stepu w formowaniu populacji związanej z kulturą strzyżowską. Przy czym, według pierwszej to populacje związane z kulturą grobów jamowych miały dać początek populacji związanej z tą kulturą. Następnie na skutek izolacji, ludność związana z kulturą strzyżowską miała wykształcić różnice na poziomie linii żeńskich względem populacji związanych z kulturą ceramiki sznurowej. Z kolei druga hipoteza zakładała pojawienie się ludności związanej z kulturą strzyżowską na skutek kolejnej migracji ze stepu, która mogła mieć miejsce w drugiej połowie III tysiąclecia p.n.e. **Wskazałam, że druga hipoteza jest bardziej prawdopodobna, ze względu na bliskie odległości genetyczne, na poziomie linii żeńskich, pomiędzy populacją związaną z kulturą strzyżowską i współegzystującą w tym samym czasie, ludnością związaną z kulturą katakumbową ze stepów.** Badania pochodzenia i zróżnicowania genetycznego populacji z okresu brązu z Polski, były przez nas w ostatnim czasie kontynuowane i wsparte, m.in. o dane pochodzące z sekwencjonowania pełnych genomów jądrowych. Obecnie manuskrypt opisujący wyniki tych badań jest po pierwszej rundzie recenzji w czasopiśmie *Nature Communications*.

Zróżnicowanie genetyczne na poziomie genomów mitochondrialnych analizowałam również w populacjach ludzkich zasiedlających stepy regionu pontyjskiego, datowanych na epokę żelaza (**O4**). Badania dotyczyły materiałów szkieletowych Scytów (700-200 lat p.n.e.), pochodzących ze stanowisk archeologicznych zlokalizowanych w Mołdawii (Naddniestrze) oraz północnego regionu pontyjskiego (ang. North Pontic Region, NPR). **Celem analiz było określenie pochodzenia linii żeńskich w badanej populacji oraz relacji genetycznych z grupami scytyjskimi z innych regionów geograficznych.** Spośród 29 analizowanych osobników, kompletne kopalne genomy mitochondrialne otrzymałam dla 19 z nich. Na podstawie uzyskanych wyników, **wskazałam, że linie żeńskie w badanej populacji wywodzą się z trzech źródeł obejmujących: łowców-zbieraczy (U5a - 1/4 wszystkich osobników, U5b – jeden osobnik), neolitycznych rolników (T2b, J2b, W3a, J1c, H, N1b– po**

**jednym osobniku, H5b – dwa osobniki) i wschodnią Eurazję (A, D4j2, F1d, M10, H8c – po jednym osobniku).** U5a została zidentyfikowana m.in. w populacjach związanych z kulturą grobów jamowych (3300-2800 lat p.n.e.) i kulturą grobów zrębowych (Srubna) (1800-1200 lat p.n.e.) z regionu pontyjsko-kaspjskiego oraz Karasuk z Altaju (1500-800 lat p.n.e.), a haplogrupy charakterystyczne dla neolitycznych rolników pojawiały się w regionie NPR również w okresie neolitu i brązu. Na tej podstawie **potwierdziłam ciągłość genetyczną określonych linii mtDNA, w tym U5a, przynajmniej od okresu brązu do żelaza w regionie NPR i zasugerowałam, że ludność związana z kulturą Srubna z okresu późnego brązu mogła być potencjalnymi przodkami Scytów z regionu NPR.** Obecność haplogrup pochodzenia wschodnio-eurazjatyckiego nie była zaskoczeniem, bowiem były one charakterystyczne dla dawnych populacji nomadycznych zasiedlających Eurazję, do których należeli również Scytowie. **Choć nie zidentyfikowałam bliskiego związku genetycznego pomiędzy Scytami z NPR i grupami scytyjskimi z regionu Altaju (kultura Pazyryk), to wskazałam tą drugą grupę jako możliwe źródło wschodnio-eurazjatyckich haplogrup A i H8. Podobnie Scytowie zasiedlający region nad Donem na wschodzie NPR mogli być źródłem haplogrupy D mtDNA, którą zidentyfikowałam w badanej grupie.** Ze względu na zróżnicowaną strukturę genetyczną społeczności scytyjskich na poziomie mtDNA, badania kontynuowaliśmy poszerzając je o analizy kopalnych genomów jądrowych i dodatkowe materiały, w tym osobniki związane z kulturą Srubna, Kimmerów i Sarmatów. Wyniki analiz zostały opublikowane w czasopiśmie *Science Advances* (Krzewińska i in. 2018, załącznik 4, **D10**).

**Istotnym elementem badań opisanych we wszystkich pracach składających się na moje osiągnięcie habilitacyjne była kwestia pokrewieństwa biologicznego.** W analizach tych wykorzystywałam genomy mitochondrialne do wykluczenia lub wskazania potencjalnego pokrewieństwa w liniach żeńskich. Badania te były istotne nie tylko z punktu widzenia rekonstrukcji struktury społecznej dawnych grup ludzkich, ale również niezbędne do wykluczenia niektórych prób z analiz populacyjnych, do których włączałam tylko jednego osobnika, jako przedstawiciela potencjalnej grupy krewnych. Pokrewieństwo biologiczne było głównym tematem kolejnej pracy wchodzącej w skład mojego osiągnięcia habilitacyjnego (**O5**). Obejmowała ona analizę szczątków kostnych datowanych na okres środkowego neolitu (ok. 4200 lat p.n.e.) związanych z kulturą późno-lendzielską (z ang. post-LBK Late Lengyel culture), pochodzących ze stanowiska archeologicznego w Kruszy Zamkowej (Kujawy, Polska). **Celem badań było określenie pokrewieństwa biologicznego pomiędzy pięcioma osobnikami (dwoje dorosłych i troje dzieci) z wykorzystaniem genomów mitochondrialnych oraz zestawu 124 markerów SNP genomu jądrowego.** Jednocześnie, badania te stanowiły test multipleksowej amplifikacji i sekwencjonowania markerów SNP pod kątem przydatności jego użycia do badań aDNA. Oprócz tego wykonałam datowanie AMS <sup>14</sup>C dla dwóch szkieletów. Przeprowadzone były także analizy antropologiczne w kierunku oznaczenia płci dorosłych osobników oraz wieku w chwili śmierci. Dwa z analizowanych osobników (dorosły i dziecko) pochodziły z wykopalisk archeologicznych prowadzonych w 1977 roku i od tego czasu szczątki były przechowywane w zbiorach antropologicznych Instytutu Biologii i Ewolucji Człowieka na WB UAM. Z kolei pozostałe trzy szkielety zostały przywiezione do naszego Laboratorium w 2016 roku, wprost ze stanowiska archeologicznego i znajdowały się w dwóch wyciętych bryłach ziemi, co umożliwiło pobranie prób do badań *in situ* i zminimalizowanie ryzyka zanieczyszczenia. W pierwszej bryle znajdował się osobnik dorosły wraz z niemowlęciem złożonym na rękach (pochówek podwójny), a w drugiej zdeponowane były szczątki małego dziecka (pochówek pojedynczy). **Na podstawie datowania <sup>14</sup>C potwierdziłam wiek analizowanych szkieletów przypadający na środkowy neolit, a na podstawie wyników analiz antropologicznych oznaczyliśmy dorosłe osobniki jako kobiety oraz potwierdziliśmy *in-situ* pochówek podwójny,** jednocześnie wykluczając możliwość wtórnego pochówku niemowlęcia. Płeć molekularną wyznaczyłam na podstawie analizy sekwencji DNA mapujących się do chromosomu X i

Y (wg. Skoglund i in. 2013). **Określiłam, że wszystkie osobniki miały płęć żeńską.** Na podstawie analiz kompletnych kopalnych genomów mitochondrialnych i sekwencji fragmentów mtDNA w przypadku jednego ze szkieletów o gorszym stanie zachowania materiału genetycznego, **wykluczyłam pokrewieństwo w liniach żeńskich pomiędzy badanymi osobnikami.** Oznacza to, że dorosłe kobiety nie były biologicznymi matkami dzieci, a i dzieci nie były pełnym rodzeństwem (nie można było wykluczyć rodzeństwa przyrodniego od wspólnego ojca). **Wyniki moich badań wskazują, że to nie najbliższe pokrewieństwo genetyczne, ale inne więzi mogły mieć znaczenie podczas pochówków w tej kulturze.** W związku z powyższym **po raz pierwszy dostarczyłam danych dotyczących bliskiego pokrewieństwa genetycznego dla pochówków środkowo-neolitycznych z terenu współczesnej Polski.** Ponadto, wskazałam, że wyniki analiz opartych o bezpośrednią amplifikację metodą PCR i sekwencjonowanie NGS loci SNP jądrowego DNA są niejednoznaczne. Obserwowałam brak amplifikacji dłuższych produktów PCR oraz wypadanie alleli, co prowadzi do błędnego wyznaczania homozygot w przypadku otrzymania danych tylko dla jednego allelu. Mimo tych ograniczeń, uzyskałam stosunkowo dużo danych SNP dla dorosłej kobiety z grobu podwójnego (z 2016 roku), której DNA był najlepiej zachowany. Analiza 124 SNP w badanych aDNA umożliwiła mi wykluczyć najbliższe pokrewieństwo między kobietami i dziećmi.

Rekonstrukcja pokrewieństwa w liniach żeńskich, na podstawie analizy kopalnych genomów mitochondrialnych, była również przedmiotem badań materiałów szkieletowych (szczególnie tych, pochodzących z grobów zbiorowych), których wyniki przedstawiłam w pracach **O2 i O3.** **Moje badania pozwoliły wesprzeć hipotezę o bliskim pokrewieństwie części osobników z grobu zbiorowego związanego z kulturą pucharów lejkowatych z Polski.** Kompletnie genomy mitochondrialne otrzymałam dla 16 osobników (głównie dzieci i młodych dorosłych) pochodzących z grobu zbiorowego w Bronocicach. Z punktu widzenia archeologicznego pochówek był wyjątkowy, bowiem w kulturze pucharów lejkowatych spotyka się głównie groby pojedyncze. Pośród analizowanych prób zidentyfikowałam cztery grupy składające się z dwóch lub trzech osobników posiadających identyczne haplotypy należące do haplogrup W3, H i J1c mtDNA. W przypadku grobów związanych z kulturą amfor kulistych potwierdziłam potencjalne relacje rodzinne w liniach żeńskich zarówno w dwóch grobach zbiorowych z Sadowia, jak i w pochówku wielokrotnym z Nakonowa. W przypadku tego pierwszego wskazałam dwie grupy potencjalnych krewnych należących do haplogrup I2 i H3v mtDNA. Z kolei w Nakonowie pośród sześciu osobników zidentyfikowałam jedną parę posiadającą ten sam haplotyp należący do haplogrupy J1c3 mtDNA. **Na podstawie badań osobników związanych z kulturą amfor kulistych wskazałam, że grzebanie zmarłych potencjalnie spokrewnionych w liniach żeńskich, w jednym grobie, mogło być w tej kulturze powszechną praktyką.** Potwierdzają to również wcześniejsze badania pokrewieństwa osobników z grobu zbiorowego z Koszyc i Kierzkowa również związanych z kulturą amfor kulistych (Schroeder i in. 2019; Tassi i in. 2017).

**Po raz pierwszy dla wiedzy wykonałam analizy pokrewieństwa biologicznego z wykorzystaniem mtDNA dla osobników z brązu z terenu współczesnej Polski (praca O3), na podstawie których wskazałam potencjalnych krewnych.** Ze względu na dużą liczebność grupy związanej z trzcinieckim kręgiem kulturowym, najwięcej możliwych relacji pokrewieństwa w liniach żeńskich zidentyfikowałam właśnie w tej populacji. W toku badań, **wskazałam potencjalnych krewnych pośród osobników ze stanowiska archeologicznego w Żernikach Górnych (sześć par osobników), jak również w Pielgrzymowicach, Krakowie Nowej Hucie i Brodnicy (po jednej parze w każdym ze stanowisk).** Poza tym, zidentyfikowałam dwie pary osobników na stanowiskach związanych z kulturą mierzanowicką (Świniary Stare i Hrebenne 10), które wykazywały możliwe wzajemne relacje rodzinne w liniach żeńskich. Nie zidentyfikowałam pokrewieństwa w liniach matczyńskich pośród osobników związanych z kulturą strzyżowską, co mogło wynikać z małej liczebności badanej grupy.

## Podsumowanie

Podsumowując mój dorobek, który wskazuję jako osiągnięcie naukowe, pragnę podkreślić, że **dane dotyczące kopalnych genomów mitochondrialnych opisane w ww. pracach (O1-O5), pochodzą w sumie z ponad 200 materiałów szkieletowych i stanowią jedne z pierwszych dużych opracowań dotyczących analiz ludzkich populacji pradziejowych na podstawie danych z aDNA, tak nielicznie prowadzonych w Polsce.** Jednocześnie wpisują się one w światowe trendy badań genetycznych dawnych społeczności. **Genomy mitochondrialne otrzymane we wszystkich pracach opublikowałam w Banku Genów** (numery akcesyjne znajdują się w poszczególnych publikacjach). Przedstawione dane w postaci zróżnicowania kopalnych genomów mitochondrialnych, często wraz z nowym datowaniem AMS <sup>14</sup>C, wykonanym na potrzeby poszczególnych badań (O2, O3 i O5), czy analizami antropologicznymi (O5), mogą być wykorzystane przez innych badaczy, w tym archeologów i antropologów.

Wszystkie z przedstawianych przeze mnie prac, to publikacje wieloautorskie. Wynika to z faktu, że badania aDNA populacji ludzkich zawsze mają charakter interdyscyplinarny. Uzyskanie szczegółowego obrazu dawnych społeczności oraz rekonstrukcja interakcji międzypopulacyjnych i zjawisk demograficznych, wymaga udziału nie tylko biologów molekularnych, ale również archeologów, antropologów, specjalistów od analiz izotopowych i bioinformatyków. **Jednak w każdej z tych prac jestem jedynym autorem odpowiedzialnym za koncepcję badań aDNA, dobór materiałów kostnych, analizę genomów mitochondrialnych oraz interpretację rezultatów z zakresu genetyki populacyjnej.**

### 4.4. Opis pozostałego dorobku niewchodzącego w skład osiągnięcia naukowego

Główny nurt mojej pracy badawczej, począwszy od studiów doktoranckich dotyczył przede wszystkim ludzkiego aDNA. Pierwsze badania prowadzone przeze mnie w latach 2007-2011 opierały się na analizach fragmentów kopalnego mtDNA, ich klonowaniu w wektorach bakteryjnych i sekwencjonowaniu metodą Sanger. Bazując na tych technikach, realizowałam zadania badawcze zaplanowane w moim doktoracie oraz projekcie grantowym P12 (załącznik 4, p. 2.9). Pierwszą część analiz (izolacje materiału genetycznego) wykonywałam w laboratoriach aDNA w Kopenhadze we współpracy z **zespołem prof. Eske Willerslova z Center for GeoGenetics na Uniwersytecie Kopenhaskim w Danii.** Drugą część badań (klonowanie i sekwencjonowanie) przeprowadzałam w **Laboratorium Techniki Biologii Molekularnej na WB UAM we współpracy z prof. Mirosławą Dabert.** Zajmowałam się wówczas **etnogenezą Słowian** i analizowałam fragmenty kopalnego mtDNA otrzymane z materiałów szkieletowych z regionu Polski. Na podstawie badań **wskazałam brak istotnych różnic genetycznych pomiędzy populacjami z okresu wpływów rzymskich (OWR) i średniowiecza na poziomie linii żeńskich, co mogło świadczyć o ciągłości zasiedlenia ziem polskich na przelomie badanych przeze mnie okresów czasowych i jednocześnie wspierać teorię miejscowego pochodzenia Słowian.** Wyniki badań opublikowałam w 2014 roku (Juras i in. 2014, załącznik 4, D15).

W ostatniej dekadzie nastąpił ogromny rozwój technik sekwencjonowania nowej generacji (NGS). Od momentu mojego zatrudnienia na stanowisku adiunkta w 2012 roku, które również zbiega się z **utworzeniem przeze mnie sterylnej laboratorium do pracy z aDNA, w tym podegradowanym DNA człowieka, na WB UAM,** zaczęłam wykorzystywać w swoich badaniach techniki sekwencjonowania wysokoprzepustowego bibliotek genomowych oraz metody kierunkowego wzbogacania w kopalne genomy mitochondrialne. Obecnie, we współpracy z dr Maciejem Chyleńskim, w ramach projektu P3 (załącznik 4, p. 2.9), kontynuujemy badania populacji ludzkich z okresu OWR związanych z kulturą wielbarską. Przedmiotem naszych analiz są społeczności powiązane z tzw.



„kamiennymi kręgami”. Według archeologów miały być to najwcześniejsze pokolenia ludzi związanych z kulturą wielbarską, które przybyły na teren Polski ze Skandynawii. Celem naszych badań jest zatem określenie ich pochodzenia genetycznego na podstawie analiz kopalnych genomów jądrowych. Projekt zakłada również wykonanie szeregu dodatkowych badań, w tym datowań radiowęglowych oraz analiz izotopów strontu, które wykorzystywane są w rekonstrukcji mobilności dawnych populacji.

Badania pochodzenia populacji słowiańskich kontynuowałam w ramach projektu **P7** (załącznik 4, p. 2.9), w latach 2014-2021, w którym byłam wykonawcą. Analizy dotyczyły okresu początków formowania się państwa Polskiego i obejmowały z jednej strony kwestie pochodzenia Słowian na podstawie badania genomów jądrowych i mitochondrialnych, a z drugiej analizy genetyczne przedstawicieli dynastii piastowskiej, pod kątem rekonstrukcji pokrewieństwa i linii genealogicznych. Dotychczas opublikowaliśmy wyniki badań kopalnych genomów mitochondrialnych, które przeprowadzone były dla populacji z dwóch stanowisk archeologicznych datowanych na OWR (Stolarek i in. 2018, Stolarek i in. 2019, załącznik 4, **D12** i **D9**, odpowiednio). Na ich podstawie wskazaliśmy **mi.in. bliskie relacje genetyczne, na poziomie linii żeńskich pomiędzy dwiema populacjami z OWR z Polski, które związane były z kulturą wielbarską oraz brak istotnych różnic genetycznych na poziomie mtDNA pomiędzy nimi i populacjami z Jutlandii, pochodzącymi z podobnego okresu czasowego**. Z kolei wyniki analiz genomów jądrowych wskazujące m.in. na różnice w chromosomie Y pomiędzy populacjami średniowiecznymi i z OWR, zostały opisane w manuskrypcie, który aktualnie znajduje się w recenzjach. Oprócz badania ludzkiego aDNA w ww. projekcie wykonaliśmy analizy paleomikrobiologiczne zebranych materiałów kostnych. Dotyczyły one zarówno opisu genetycznego bakterii, które towarzyszyły szczątkom ludzkim (Philips i in. 2017, załącznik 4, **D14**), jak również identyfikacji ewentualnych ludzkich patogenów (Philips i in. 2020, załącznik 4, **D5**). Przeprowadziliśmy analizy metagenomowe dla mikroorganizmów wyizolowanych ze 161 materiałów szkieletowych. Na tej podstawie **wskazaliśmy, że zdecydowaną większość frakcji wyizolowanego DNA stanowił materiał genetyczny należący głównie do współczesnych bakterii pochodzenia środowiskowego**. Skład mikrobioty różnił się między analizowanymi próbkami i nie był skorelowany z pochodzeniem geograficznym lub wiekiem badanych materiałów. Ponadto w ok. 2/3 prób, **zidentyfikowaliśmy obecność bakterii i Archaea typowych dla ludzkiej ustnej/jelitowej flory bakteryjnej**. Materiał genetyczny mikroorganizmów związanych z człowiekiem, w przeciwieństwie do bakterii środowiskowych, wykazywał uszkodzenia charakterystyczne dla aDNA. W związku z tym zasugerowaliśmy, że mogły być to bakterie, które towarzyszyły człowiekowi przed jego śmiercią. W kolejnym badaniu (Philips i in. 2020, załącznik 4, **D5**), wykorzystując również materiał genetyczny z pracy **D14**, przeskanowaliśmy, przy użyciu sekwencjonowania NGS, w sumie 344 mikrobiomy pod kątem obecności ewentualnych patogenów ludzkich. Pośród analizowanych prób **zidentyfikowaliśmy *Tannerella forsythia*, która jest jednym z najpopularniejszych ludzkich patogenów jamy ustnej**. Na bazie analizy materiału genetycznego pochodzącego z czterech osobników, **po raz pierwszy wykazaliśmy, że bakterie te w okresie historycznym miały mniejsze zróżnicowanie genetyczne niż współczesne *Tannerella forsythia***. Ponadto określiliśmy, że **geny związane z czynnikiem zakaźności (proteaza *KLIKK* i *bspA*) wykazują istotne różnice pomiędzy szczepami współczesnymi i kopalnymi *Tannerella forsythia***. Z kolei, materiały kostne, w których zidentyfikowane zostały te patogeny, posiadały zmiany morfologiczne będące efektem obecności *Tannerella forsythia* tj. zaawansowane zapalenie przyzębia objawiające się ubytkami kości wyrostka zębodołowego. Na podstawie przeprowadzonych badań **dostarczyliśmy nowych informacji na temat pojawienia się oraz ewolucji i czynników zakaźnych *Tannerella forsythia***.

Jestem współautorem pierwszej na świecie bazy kopalnych genomów mitochondrialnych **AmtDB**, która została opublikowana w czasopiśmie *Nucleic Acids Research* (Ehler i in. 2019, załącznik 4, **D7**) i jest dostępna online (<https://amtdb.org/>). Podczas naszej wieloletniej współpracy z **dr**

**Edvardem Ehlerem z Laboratorium Genomiki i Bioinformatyki w Instytucie Genetyki Molekularnej Czeskiej Akademii Nauk w Pradze**, zgromadziliśmy duże ilości danych referencyjnych dotyczących kopalnych genomów mitochondrialnych. Na tej podstawie utworzyliśmy bazę, z otwartym dostępem, która w momencie publikacji zawierała ponad 1100 kopalnych genomów mitochondrialnych, a obecnie liczy ponad 2500 prób. Zakłada ona możliwość importu sekwencji mtDNA przez użytkowników, razem z informacjami dotyczącymi pochodzenia i nazw prób, lokalizacji geograficznej, ewentualnego datowania radiowęglowego i kontekstu archeologicznego. Udostępniliśmy również interaktywną mapę do wizualizacji lokalizacji poszczególnych osobników.

Wspólnie z dr Maciejem Chyleńskim oraz współpracownikami z **Human Evolution, Department of Organismal Biology na Uniwersytecie w Uppsali oraz Centre for Palaeogenetics na Uniwersytecie w Sztokholmie, w Szwecji**, od kilku lat prowadzimy badania aDNA ludzkich populacji pradziejowych związanych z okresem mezolitu oraz wczesnego neolitu z Europy Centralnej i Wschodniej oraz Anatolii (Turcja). W ramach analiz materiałów kostnych z Polski, których wyniki opublikowaliśmy w 2017 roku (Chyleński i in. 2017, **D13**, załącznik 4), otrzymaliśmy kopalne genomy mitochondrialne dla osobników związanych z późnymi neolitycznymi kulturami naddunajskimi (ang. Late Danubian Neolithic, LDN), wczesno-neolityczną kulturą ceramiki wstęgowej (LBK) oraz częściowo pokryty genom mtDNA dla łowcy-zbieracza z mezolitu. **Określiliśmy, że ludność związana z LDN ma bliższe relacje genetyczne na poziomie linii żeńskich z populacjami związanymi z kulturą pucharów lejkowatych niż LBK.** Taki wynik związany był prawdopodobnie ze zidentyfikowaną w LDN haplogrupą U5b mtDNA. **Jej obecność wskazuje na przepływ genów pomiędzy łowcami-zbieraczami i populacjami wczesno-neolitycznymi, a efekt tej admiksji widoczny jest w strukturze genetycznej linii żeńskich późniejszych społeczności neolitycznych związanych z LDN i kulturą pucharów lejkowatych.** Z kolei na podstawie naszych najnowszych badań kopalnych genomów jądrowych populacji łowców-zbieraczy oraz neolitycznych rolników z Europy Centralnej i Wschodniej, **wskazaliśmy kontynuację genetyczną trwającą w sumie ok. 4000 lat, od mezolitu do końca neolitu w dolinie Rzeki Dniepr (Ukraina) (Mattila i in. 2022, preprint).** Ponadto określiliśmy, że zróżnicowanie genetyczne w tym regionie zarówno w okresie mezolitu jak i neolitu było na podobnym poziomie, w przeciwieństwie do Polski i Rumunii, gdzie populacje mezolityczne wykazywały znacznie mniejsze zróżnicowanie genetyczne niż ludność neolityczna. Jednocześnie **wykazaliśmy, że populacje z doliny Dniepru miały stabilną wielkość populacji na przestrzeni czasu i nie podlegały admiksji z neolitycznymi/anatolijskimi rolnikami.** Pokazaliśmy również, że europejskie populacje mezolityczne zajmowały strefę izolowaną geograficznie, rozciągającą się od Centralnej Europy po Syberię, która powstała już 10 000 lat temu. Wykonaliśmy także analizy pokrewieństwa genetycznego, z wykorzystaniem genomów jądrowych, na podstawie których m.in. **potwierdziliśmy wyniki badań przeprowadzonych i opublikowanych w pracy O5 i jednoznacznie wykluczaliśmy pokrewieństwo pierwszego i drugiego stopnia spośród osobników z neolitycznej Kruszy Zamkowej.**

**Oprócz badań wczesnego neolitu z Centralnej i Wschodniej Europy, byłam również zaangażowana w analizy wczesno-neolitycznej ludności z Anatolii.** Dotyczyły one populacji ze stanowiska archeologicznego w **Çatalhöyük**, datowanego na 7100–5950 lat p.n.e., które jest jedną z największych i najbardziej znanych osad wczesno-neolitycznych na świecie. Jej fenomen związany jest bardzo dobrym stanem zachowania oraz dużą ilością dzieł sztuki związanej z neolitem. Na przestrzeni lat prowadzone były tam liczne wykopaliska archeologiczne, dzięki którym uzyskano szczegółowe dane odnośnie społecznej organizacji populacji związanych z wczesnym neolitem. Osada w Çatalhöyük składała się z konglomeratu skupionych domostw z wyraźnie wyodrębnionymi częściami mieszkalnymi. Pod podłogami większości domów znajdowały się pochówki ludzi, a pod niektórymi z budynków, tych o bogatszym wyposażeniu, liczba odkrytych szczątków ludzkich sięgała nawet 70.



**Wspólnie z dr Maciejem Chyleńskim i badaczami z innych ośrodków naukowych, w tym Wydziału Archeologii UAM, Uniwersytetu w Sztokholmie i Środkowo-Wschodniego Uniwersytetu Technicznego w Ankarze, przeprowadziliśmy analizy aDNA dla 37 osobników pod kątem identyfikacji pokrewieństwa biologicznego na poziomie linii żeńskich jak również relacji genetycznych z innymi populacjami wczesno-neolitycznymi, szczególnie z regionu Bliskiego Wschodu (Chyleński i in. 2019, załącznik 4, D6). Na podstawie otrzymanych wyników **wykluczaliśmy pokrewieństwo w liniach żeńskich pomiędzy 10 osobnikami, dla których uzyskaliśmy genomy mitochondrialne.** Osobniki te stanowiły grupy pochodzące w sumie z czterech sąsiadujących ze sobą domów. Dlatego zasugerowaliśmy, że pochówki reprezentowały albo dużą grupę krewnych, w której obecne były różne linie żeńskie, albo grupę osób wybranych do pochówku niezależnie od pokrewieństwa genetycznego. Z kolei na podstawie analiz populacyjnych **wykazaliśmy, że ludność neolityczna ze środkowej Anatolii, w tym Çatalhöyük ma bliskie relacje genetyczne na poziomie mtDNA z innymi populacjami z Bliskiego i Środkowego Wschodu, w tym najbliższe z populacją z regionu Marmara.** Taki wynik wspiera hipotezę o kierunku rozprzestrzeniania się neolitu na Półwyspie Anatolijskim i poza nim oraz podkreśla znaczącą rolę Środkowej Anatolii w tym procesie. **Badania populacji z Çatalhöyük były kontynuowane i w 2021 roku opublikowaliśmy wyniki analiz kopalnych genomów jądrowych w czasopiśmie *Current Biology* (Yaka i in. 2021, załącznik 4, D4).** Celem analiz była przede wszystkim rekonstrukcja pokrewieństwa genetycznego. Badania wykonaliśmy z wykorzystaniem 59 kopalnych genomów jądrowych, w tym 22 nowych ze stanowisk w Asıklı Höyük i Çatalhöyük. Na podstawie analiz **po raz pierwszy wskazaliśmy, że na stanowiskach Boncuklu i Asıklı Höyük, które datowane były na 9-8 tys. lat p.n.e., pochówki w postaci rodziców i dzieci oraz rodzeństw były częste w obrębie domostw. Natomiast 7 tys. lat p.n.e. w Çatalhöyük i Barcin, gdzie badane były głównie materiały szkieletowe osobników młodocianych, wspólne pochówki krewnych były rzadkością.** Na tej bazie zasugerowaliśmy, że przynajmniej na tych dwóch ostatnich stanowiskach archeologicznych, pokrewieństwo mogło nie odgrywać większej roli w wyborze miejsca pochówku dla osobników młodocianych.**

**Wspólnie z dr Heleną Malmström oraz prof. Mattiasem Jakobssonem z Human Evolution, Department of Organismal Biology na Uniwersytecie w Uppsali, w Szwecji, uczestniczyłam w badaniach neolitycznych populacji ludzkich z terenu obecnej Szwecji, Estonii i Polski (Malmström i in. 2019, załącznik 4, D8). Analizowane materiały szkieletowe ze Skandynawii związane były zarówno z kulturą ceramiki sznurowej w formie tzw. kultury toporów bojowych, jak również kulturą pucharów lejkowatych oraz kulturą ceramiki dołkowej. Estonia reprezentowana była przez jednego osobnika związanego z kulturą ceramiki sznurowej. Z kolei z Polski **włączyliśmy do badań osobniki związane z kulturą ceramiki sznurowej, które były jednymi z najstarszych przedstawicieli tej kultury, dotychczas zidentyfikowanych w naszym regionie (Oblaczkowo).** Na podstawie przeprowadzonych badań **dostarczyliśmy nowych danych genomicznych i wykazaliśmy, że osobniki związane z kulturą toporów bojowych z południowo-centralnej Szwecji wykazują bliskie podobieństwo genetyczne do populacji związanych z kulturą ceramiki sznurowej z Europy kontynentalnej, co potwierdza, że ludność ze stepu dotarła również do Skandynawii ok. 2800 lat p.n.e.** Jednocześnie określiliśmy, że osobniki związane z kulturą toporów bojowych miały więcej komponentu genetycznego związanego z neolitycznymi rolnikami, przekazanego prawdopodobnie na skutek admiksji z ludnością powiązaną z kulturą pucharów lejkowatych, niż osobniki związane z kulturą ceramiki sznurowej, datowane na okres przed 2600 lat p.n.e., które pochodziły z południowego lub wschodniego wybrzeża Bałtyku. Admiksja mogła mieć miejsce jeszcze przed lub już po przybyciu do Skandynawii. **W przypadku osobników z Polski związanych z kulturą ceramiki sznurowej (Oblaczkowo) wykazaliśmy niezwykle duży (ponad 90%) udział komponentów pochodzenia stepowego w genomach jądrowych.** Świadczy to o ich bliskim genetycznym powiązaniu z populacjami**

ze stepów. Ze względu na swój wczesny wiek radiowęglowy, mogli należeć (w szczególności dorosły mężczyzna) do jednego z pierwszych pokoleń migrujących ze stepu.

**Wspólnie z prof. Andersem Götherströmem i dr Mają Krzewińską z Centre for Palaeogenetics na Uniwersytecie w Sztokholmie, w Szwecji** byłam zaangażowana w badania genomów jądrowych populacji z epoki żelaza, w tym Scytów, Kimmerów, Sarmatów i populacji z okresu późnego brązu związanej z kulturą grobów zrębowych (Srubna). Na podstawie przeprowadzonych analiz **potwierdziliśmy duże zróżnicowanie genetyczne populacji scytyjskich, nie tylko na poziomie mtDNA (jak w pracy O4), ale również jądrowego DNA i jednocześnie niejednorodne ich pochodzenie**. Wykazaliśmy wpływy genetyczne przynajmniej z czterech różnych źródeł, gdzie poszczególne osobniki pochodzące z populacji Scytów (w tym tych z regionu NPR) grupowały się w klastry: południowo-europejski, północno-kaukaski (stepowy) i północno-europejski oraz grupę pośrednią pomiędzy stepową i południowo-europejską, gdzie widoczne było podobieństwo genetyczne do współczesnych populacji z Bułgarii, Grecji, Chorwacji i Turcji. Jednocześnie poprzez analizę statystyki  $f_4$  **potwierdziliśmy powiązanie genetyczne zachodnich Scytów z Centralną Azją** reprezentowaną w tym przypadku przez populacje z okresu brązu związane z kulturami Andronowo, Afanasievo i Sintashta. Wyniki naszych badań zostały opublikowane w *Science Advances* (Krzewińska i in. 2018, załącznik 4, **D10**).

W ramach projektu **P9** (załącznik 4, p.2.9) byłam zaangażowana nie tylko w badania aDNA populacji z okresu brązu (**O3**) ale również uczestniczyłam w analizach izotopowych obejmujących datowanie radiowęglowe (Makarowicz i in. 2021, załącznik 4, **D2**) oraz rekonstrukcję diety na podstawie badań izotopów  $\delta^{13}\text{C}$  i  $\delta^{15}\text{N}$  (Pospieszny i in. 2021, załącznik 4, **D3**). **Na podstawie modelowania bayesowskiego dat  $^{14}\text{C}$  otrzymanych dla 91 osobników związanych z trzcinieckim kręgiem kulturowym wykazaliśmy, że największa nekropolia zbiorowa z Żernik Górnych mogła być użytkowana przez okres od ok. 130 - 410 lat. Pozostałe groby mogły być użytkowane średnio przez okres kilku do prawie 200 lat, a w jednym grobie było składanych do 30 osobników. Z kolei na podstawie analizy izotopów  $\delta^{13}\text{C}$  i  $\delta^{15}\text{N}$  wykonanych dla 122 osobników z okresu środkowego i późnego brązu, wykazaliśmy, po raz pierwszy dla tak dużej ilości prób, stopniowy wzrost konsumpcji prosa. Wyższe wartości  $\delta^{13}\text{C}$  pojawiają się ok. 1500 lat p.n.e. w kolagenie ludności pochodzącej z wyżyn, a potem stopniowo wzrastają przez kolejne 200 lat, osiągając swoje maksimum ok. 1300 lat p.n.e. Jednocześnie wskazaliśmy, że konsumpcja prosa mogła zostać zapoczątkowana w Kotlinie Karpackiej i z tego kierunku mogła przybyć na teren współczesnej Polski.**

**W ramach pełnionej przeze mnie funkcji promotora pomocniczego** w doktoracie realizowanym na Uniwersytecie Jagiellońskim dotyczącym badania strategii odżywiania subfossylnych populacji ludzkich z terenu południowej Polski na gęstość kości w świetle analiz molekularnych i izotopowych, koordynowałam badania dotyczące zagadnienia tolerancji laktozy w populacjach średniowiecznych z terenu Polski. Na podstawie analiz materiałów szkieletowych **po raz pierwszy dostarczyliśmy danych na temat relacji genotypów LCT-1390 i gęstości kości (ang. bone mineral density, BMD) w populacjach historycznych (Mnich i in. 2018, załącznik 4, D11).**

Oprócz prowadzenia badań opierających się na ludzkim aDNA, uczestniczyłam także w analizach kopalnego materiału genetycznego zwierząt. Dotyczyły one badania linii mtDNA jeleni szlachetnych (*Cervus elaphus*) z Eurazji. Wyniki ostatnich analiz pozwoliły ze szczegółami prześledzić zmiany zasięgu poszczególnych populacji spowodowanych zmianami klimatu w późnym plejstocenie i holocenie (Doan i in. 2022, załącznik 4, **D1**).

Za osiągnięcia w pracy badawczej zostałam nagrodzona stypendiami i nagrodami zespołowymi Rektora UAM – szczegóły w p. 7.

## Literatura

- Allentoft, M. E. i in. (2015). Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522, 167.
- Chyleński M., Juras A., Ehler E., Malmström H., Piontek J., Jakobsson M., Marciniak A., Dabert M. (2017). Late Danubian mitochondrial genomes shed light into the Neolithisation of Central Europe in the 5th millennium BC, *BMC Evolutionary Biology*, vol. 17, s. 1-12
- Chyleński M., Ehler E., Somel M., Yaka R., Krzewińska M., Dabert M., Juras A., Marciniak A. (2019). Ancient mitochondrial genomes reveal the absence of maternal kinship in the burials of Çatalhöyük people and their genetic affinities, *Genes*, vol. 10, nr 3, s. 1-14.
- Davy, T., Ju, D., Mathieson, I., Skoglund P. (2022) Hunter-gatherer admixture facilitated natural selection in Neolithic European farmers. Preprint BioRxiv doi.org/10.1101/2022.09.05.506481
- Doan K., Niedziałkowska M., Stefaniak K., i in. (2022) Phylogenetics and phylogeography of red deer mtDNA lineages during the last 50 000 years in Eurasia, *Zoological Journal of the Linnean Society*, vol. 194, nr 2, 431–456, DOI:10.1093/zoolinnean/zlab025
- Fernandes, D. M., Strapagiel, D., Boro\_wka, P., Marciniak, B., Ządzinska, E., Sirak, K., Siska, V., Grygiel, R., Carlsson, J., Manica, A., Lorkiewicz, W., & Pinhasi, R. (2018). A genomic Neolithic time transect of hunter-farmer admixture in Central Poland. *Scientific Reports*, 8(1), 14879.
- Fu, Q., Mittnik, A., Johnson, P. L. F., Bos, K., Lari, M., Bollongino, R., Sun, C., Giemsch, L., Schmitz, R., Burger, J., Ronchitelli, A. M., Martini, F., Cremonesi, R. G., Svoboda, J., Bauer, P., Caramelli, D., Castellano, S., Reich, D., Pääbo, S., & Krause, J. (2013). A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes. *Current Biology: CB*, 23(7), 553–559.
- Goldberg, A., Günther, T., Rosenberg, N. A. & Jakobsson, M. (2017). Ancient X chromosomes reveal contrasting sex bias in Neolithic and Bronze Age Eurasian migrations. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 114, 2657–2662.
- González-Fortes, G., Jones, ER., Lightfoot, E., Bonsall, C., Lazar C, Grandal-d'Anglade A, Garralda MD, Drak L, Siska V, Simalcsik A, Boroneanț A, Vidal Romani JR, Vaqueiro Rodríguez M, Arias P, Pinhasi R, Manica A, Hofreiter M. (2017). Paleogenomic Evidence for Multi-generational Mixing between Neolithic Farmers and Mesolithic Hunter-Gatherers in the Lower Danube Basin. *Current Biology* 19;27(12):1801-1810.e10.
- Haak, W. i in. (2015). Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522, 207.
- Jonsson, H., Ginolhac, A., Schubert, M., Johnson, P. L. F., & Orlando, L. (2013). mapDamage2.0: Fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 29(13), 1682–1684.
- Juras A., Dabert M., Kushniarevich A., Malmström H., Raghavan M., Kosicki J., Metspalu E., Willerslev E., Piontek J. (2014). Ancient DNA reveals matrilineal continuity in present-day Poland over the last two millennia, *PLoS ONE*, vol. 9, nr 10, s. 1-9.
- Krzewińska, M., Kılınç, G., Juras, A., Koptekin, D., Chyleński, M., Nikitin, A., Shcherbakov, N., Shuteleva, I., Leonova T., Kraeva, L., Sungatov, F., Sultanova, A., Potekhina, I., Łukasik, S., Krenz-Niedbała, M., Dalén L., Sinika, V., Jakobsson, M., Storå, J., Götherström A. (2018). Ancient genomes suggest the eastern Pontic-Caspian steppe as the source of western Iron Age nomads, *Science Advances*, vol. 4, nr 10, s. 1-13.
- Makarowicz P., Goslar T., Górski J., Taras H., Anita S., Pospieszny Ł., Jagodinska M., Ilchyshyn V., Włodarczyk P., Juras A., Chyleński M., Muzolf P., Lasota-Kuś A., Wójcik I., Matoga A., Nowak M., Przybyła M., Marcinkowska-Swojak M., Figlerowicz M., Grygiel R., Czebreszuk J., Kochkin I. (2021). The Absolute Chronology of Collective Burials from the 2nd Millennium BC in East Central Europe, *Radiocarbon*, vol. 63, nr 2, 669–692, DOI:10.1017/rdc.2020.139
- Malmström H., Günther T., Svensson E., Juras A., Fraser M., Munters A., Pospieszny Ł., Törv M., Lindström J., Götherström A., Storå J., Jakobsson M. (2019). The genomic ancestry of the Scandinavian Battle Axe Culture people and their relation to the broader Corded Ware horizon, *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, vol. 286, nr 1912, s. 1-8
- Mattila, T, Svensson, M., Juras, A., Günther, T., Kashuba, N., Ala-Hulkko, T., Chylenski, M., Pospieszny, Ł., Constantinescu, M., Rotea, M., Palincaş, N., Wilk S., Czerniak, L., Kruk, J., Łapo, J., Makarowicz, P., Potekhina I., Soficaru A., Szmyt M., Szostek K., Götherström A., Storå J., Netea MG., Nikitin AG., Persson P., Malmström H., Jakobsson M. (2022). Genetic continuity, isolation, and gene flow in Stone Age Central and Eastern Europe. *Preprint* <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-1966812/v1>
- Mnich B., Spinek A., Chyleński M., Sommerfeld A., Dabert M., Juras A., Szostek K. (2018). Analysis of LCT-13910 genotypes and bone mineral density in ancient skeletal materials, *PLoS ONE*, vol. 13, nr 4, s. 1-8.

- Lott, M. T., Leipzig, J. N., Derbeneva, O., Xie, H. M., Chalkia, D., Sarmady, M., Procaccio, V., & Wallace, D. C. (2013). MtDNA variation and analysis using Mitomap and Mitomaster. *Current Protocols in Bioinformatics*, 44, 1.23.1–1.23.26.
- Philips A., Stolarek I., Kuczkowska B., Juras A., Handschuh L., Piontek J., Kozłowski P., Figlerowicz M. (2017). Comprehensive analysis of microorganisms accompanying human archaeological remains, *GigaScience*, vol. 6, s. 1-13.
- Philips A., Stolarek I., Handschuh L., Nowis K., Juras A., Trzciniński D., Nowaczewska W., Wrzesińska A., Potempa J., Figlerowicz M. (2020). Analysis of oral microbiome from fossil human remains revealed the significant differences in virulence factors of modern and ancient *Tannerella forsythia*, *BMC Genomics*, vol. 21, 2020, s. 1-14
- Pospieszny Ł., Makarowicz P., Lewis J., Górski J., Taras H., Włodarczak P., Anita S., Ilchyshyn V., Jagodinska M., Czebreszuk J., Muzolf P., Nowak M., Polańska M., Juras A., Chyleński M., Wójcik I., Lasota-Kuś A., Romaniszyn J., Tunia K., Przybyła M., Grygiel R., Matoga A., Makowiecki D., Goslar T. (2021). Isotopic evidence of millet consumption in the Middle Bronze Age of East-Central Europe, *Journal of Archaeological Science*, vol. 126, s. 1-16.
- Schroeder, H., Margaryan, A., Szmyt, M., Theulot, B., Włodarczak, P., Rasmussen, S., Gopalakrishnan, S., Szczepanek, A., Konopka, T., Jensen, T. Z. T., Witkowska, B., Wilk, S., Przybyła, M. M., Pospieszny, Ł., Sjögren, K.-G., Belka, Z., Olsen, J., Kristiansen, K., Willerslev, E., ... Allentoft, M. E. (2019). Unraveling ancestry, kinship, and violence in a late Neolithic mass grave. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(22), 10705–10710.
- Skoglund P., Storå, J., Götherström, A., Jakobsson M. (2013). Accurate sex identification of ancient human remains using DNA shotgun sequencing, *J. Archaeol. Sci.* 40 4477–4482.
- 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*, Nature Publishing Group, vol. 8, s. 1-14.
- Stolarek I., Handschuh L., Juras A., Nowaczewska W., Kóčka-Krenz H., Michałowski 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*, Nature Publishing Group, vol. 9, s. 1-14.
- Tassi, F., Vai, S., Ghiretto, S., Lari, M., Modi, A., Pilli, E., Brunelli, A., Susca, R. R., Budnik, A., Labuda, D., Alberti, F., Lalueza-Fox, C., Reich, D., Caramelli, D., & Barbujani, G. (2017). Genome diversity in the Neolithic globular amphorae culture and the spread of indo-European languages. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 284(1867), 20171540.
- Yaka R. i in. (2021). Variable kinship patterns in Neolithic Anatolia revealed by ancient genomes, *Current Biology*, vol. 31, nr 11, 2021, s. 2455-2468

## 5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej

Począwszy od studiów doktoranckich aktywnie współpracowałam z zagranicznymi i krajowymi instytucjami naukowymi. Ze względu na specyfikę prowadzonych przeze mnie badań oraz fakt, że podczas moich studiów doktoranckich (w latach 2006-2011) na Wydziale Biologii UAM nie istniało jeszcze laboratorium kopalnego DNA, rozpoczęłam współpracę z zespołem prof. Eske Willerslova i dr Heleny Malmström z **Center for GeoGenetics na Uniwersytecie Kopenhaskim w Danii**. W ramach tego, zostałam zaproszona do odbycia serii staży naukowych w latach 2009-2011 (jedno- i dwutygodniowych; w sumie 3 miesiące), podczas których nabyłam umiejętności pracy z aDNA i jednocześnie realizowałam zadania badawcze zaplanowane w doktoracie. Na Uniwersytecie Kopenhaskim podczas staży naukowych wykonywałam część analiz wymagających pracy w sterylnym laboratorium, w tym m.in. izolacje aDNA z materiałów kostnych, a następnie, już w Polsce, w **Laboratorium Techniki Biologii Molekularnej na UAM, pod opieką prof. UAM Mirosławy Dabert**, kontynuowałam badania i przygotowywałam dane do rozprawy doktorskiej. W 2011 roku dzięki nawiązaniu współpracy z dr Aleną Kushniarevich i dr Ene Metspalu, odbyłam tygodniowy staż w **Estonian Biocentre na Uniwersytecie w Tartu w Estonii**. Wyjazd miał charakter szkoleniowo-



badawczy i powiązany był z realizacją zadań z zakresu genetyki populacyjnej, które również zaplanowane były w ramach mojej pracy doktorskiej. Efektem współpracy zarówno z Uniwersytetem Kopanaskim, jak i Uniwersytetem w Tartu była wspólna publikacja (załącznik 4, **D15** w p. 2.4).

W latach 2014-2018, pracując już na stanowisku adiunkta w Instytucie Biologii i Ewolucji Człowieka na Wydziale Biologii UAM, zrealizowałam serię wyjazdów stażowych do laboratorium aDNA w **Human Evolution, Department of Organismal Biology na Uniwersytecie w Uppsali, w Szwecji** w ramach nowo nawiązanej współpracy z zespołem prof. Mattiasa Jakobssona oraz kontynuowanej współpracy z dr Heleną Malmström (10 dni w 2014 roku; 1 tydzień w 2015 roku; 1 tydzień w 2016 roku; 1 tydzień w 2017 roku; 1 tydzień w 2018 roku). Podróże te obejmowały również wizyty w **Centre for Palaeogenetics na Uniwersytecie w Sztokholmie**, gdzie współpracuję z zespołem prof. Andersa Gotherströma i dr Mai Krzewińskiej. Wyjazdy do Szwecji miały charakter zarówno szkoleniowy (nabywanie umiejętności w zakresie nowych technik analizy aDNA), jak i badawczy, związany z analizami genetycznymi populacji pradziejowych. Współpraca ta na przestrzeni lat zaowocowała powstaniem kilku wspólnych publikacji (**O1-O5** oraz załącznik 4, **D4, D6, D8, D10** w p. 2.4).

W ostatnim czasie – lata 2020-2022, kierowałam projektem bilateralnej polsko-czeskiej wymiany naukowców **P6** (załącznik 4, p. 2.9) finansowanym przez Narodową Agencję Wymiany Akademickiej (NAWA) w ramach którego odbyłam wyjazdy stażowe do Czech (1 tydzień w 2021 roku i 1 tydzień w 2022 roku). Moim partnerem w tym projekcie był dr Edvard Ehler z **Laboratorium Genomiki i Bioinformatyki w Instytucie Genetyki Molekularnej Czeskiej Akademii Nauk w Pradze** (Oddělení Genomiky a Bioinformatiky, Ústav Molekulární Genetiky AV ČR, v.v. i.). Staże miały charakter badawczy i były związane z realizacją projektów grantowych dotyczących analiz aDNA populacji z okresu brązu i żelaza z Centralnej Europy. Ponadto, w 2021 roku zostałam zaproszona do wygłoszenia referatu pt. „Ancient DNA” na seminarium Instytutu Genetyki Molekularnej Czeskiej Akademii Nauk. Z kolei, wyniki naszych badań pilotażowych przeprowadzonych dla populacji z okresu żelaza były podstawą do składania dwustronnego (polsko-czeskiego) projektu grantowego, do NCN i GAČR, w ramach programu WEAVE-UNISONO (w latach 2021 i 2022) oraz OPUS-LAP w grudniu 2022 roku, który aktualnie przeszedł do II etapu oceny merytorycznej. Ponadto, efektem wcześniejszej współpracy z dr Edvardem Ehlerem, która rozpoczęła się już w 2015 roku, była wspólna praca dotycząca, wspomnianej już przeze mnie wcześniej, bazy kopalnych genomów mitochondrialnych (załącznik 4, **D7**, w p. 2.4). Dr Ehler jest także współautorem naszej najnowszej pracy dotyczącej zróżnicowania kopalnych genomów jądrowych populacji ludzkich z epoki brązu, z terenu Polski, pt. *‘Patrilocality and hunter-gatherer-related ancestry of populations in East-Central Europe during the Middle Bronze Age’*, która jest obecnie po pierwszej rundzie recenzji w czasopiśmie *Nature Communications*. Nasza długoletnia współpraca zaowocowała powstaniem również innych publikacji (**O1-O5**, załącznik 4, **D6, D13**, w p. 2.4).

W ramach działalności poza uczelnią macierzystą, współpracuję również z zespołem doc. RNDr. Miroslava Králíka z **Uniwersytetu Masaryka w Brnie w Czechach**. Jest on od marca 2023 roku kierownikiem projektu NAKI (załącznik 4, **P1** w p. 2.9), w którym zostałam zatrudniona jako wykonawca. Moim zadaniem w tym projekcie będzie przeprowadzenie analiz aDNA celem określenia pochodzenia i pokrewieństwa w społecznościach anabaptystycznych datowanych na XVI i XVII w. n.e., z terenu Moraw. Efektem naszej wcześniejszej współpracy jest publikacja dotycząca zróżnicowania genetycznego populacji neolitycznych z Polski i Czech (**O2**).

Jestem i byłam zatrudniona jako wykonawca w projektach realizowanych na **Uniwersytecie Wrocławskim**, kierowanych przez prof. dr hab. Józefa Szykułskiego (projekt **P2**, załącznik 4, p. 2.9) i dr hab. Justynę Baron (projekt **P8**, załącznik 4, p.2.9). W 2019 roku, w ramach współpracy z prof.

Szykulskim i Muzeum Archeologicznym w Arequipie, odbyłam wyjazd stażowy w Peru (2,5 tygodnia), podczas którego prowadziłam analizy morfologiczne ludzkiego materiału szkieletowego z okresu prekolumbijskiego oraz pobierałam próby kostne do analiz genetycznych i izotopowych. Późniejsze pilotażowe badania przeprowadzone w laboratorium aDNA na WB UAM, były między innymi podstawą do ubiegania się i w efekcie otrzymania funduszy na ww. projekt grantowy.

Współpracuję również z antropologami z **Uniwersytetu Jagiellońskiego**, gdzie **pełniłam funkcję promotora pomocniczego w przewodzie doktorskim**, który zakończył się obroną pracy doktorskiej w czerwcu 2021 roku i dotyczył wpływu strategii odżywiania na gęstość kości na podstawie badań molekularnych i izotopowych (szczegóły w p.6). Ponadto w maju 2019 roku **prowadziłam zajęcia warsztatowe na Uniwersytecie Jagiellońskim** w ramach kursu „Antropologia stosowana” dla kierunku biologia II stopnia w projekcie „Sprostac oczekiwaniom pracodawców! Dostosowanie programu kształcenia kierunku UJ biologia II stopnia do potrzeb otoczenia społeczno-gospodarczego”, który współfinansowany był ze środków Europejskiego Funduszu Społecznego, Program Operacyjny Wiedza Edukacja Rozwój.

Ze względu na fakt, że badania genetyczne prowadzę na materiałach szkieletowych, które często pochodzą z kolekcji muzealnych i zbiorów antropologicznych znajdujących się na terenie Polski, to na przestrzeni ostatnich kilku lat nawiązałam liczne kontakty i trwałe współprace z archeologami i antropologami z różnych instytucji krajowych. Są wśród nich jednostki muzealne, w tym **Muzeum Archeologiczne w Krakowie, Muzeum Narodowe w Szczecinie, Muzeum w Koszalinie, Muzeum Pierwszych Piastów na Lednicy** oraz uczelnie i jednostki PAN, w tym **Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN im. Ludwika Hirszfelda we Wrocławiu, czy Instytut Chemii Bioorganicznej PAN w Poznaniu**. Z mojej inicjatywy UAM podpisał umowę o współpracy, w formie listu intencyjnego, z **Muzeum Górnośląskim w Bytomiu**. Ponadto współpracuję z **Muzeum Archeologicznym w Poznaniu**, gdzie m.in. zostałam zaproszona w 2012 roku do wygłoszenia referatu pt. „Archeologia biomolekularna: zastosowania i aspekty metodyczne analiz kopalnego DNA”, w ramach posiedzenia komisji archeologicznej PAN w Poznaniu. Muzeum Archeologiczne w Poznaniu wraz z Wydziałem Archeologii UAM było organizatorem otwartego seminarium, podczas którego wygłosiłam referat w ramach cyklu „Dorzecze Dniestru jako przestrzeń kontaktów kulturowych w IV i III tys. przed Chr” w 2016 roku. Wyniki badań aDNA prowadzonych na materiałach kostnych, udostępnianych w ramach współpracy przez ww. jednostki, przyczyniły się do powstania wspólnych publikacji (załącznik 4, **D2, D3, D5, D9, D12, D14, D15**).

## **6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę**

### **Osiągnięcia dydaktyczne**

W ramach pracy na stanowisku naukowo-dydaktycznym prowadzę zajęcia dla studentów biologii, biotechnologii oraz biologii i zdrowia człowieka na Wydziale Biologii Uniwersytetu A. Mickiewicza w Poznaniu.

Zajęcia prowadzone w j. polskim:

- **Techniki analizy DNA** – ćwiczenia laboratoryjne – od roku akademickiego 2013/2014 – moduł dla uczestników studiów I stopnia na kierunkach biologia i biotechnologia



- **Markery molekularne** – ćwiczenia laboratoryjne – od roku akademickiego 2014/2015 – moduł dla uczestników studiów II stopnia na kierunkach biologia i biotechnologia
- **Biologia populacji ludzkich** – wykład i konwersatorium – w latach akademickich 2017/2018 i 2018/2019 – moduł dla uczestników studiów I stopnia na kierunku biologia
- **Metody badań populacyjnych** – ćwiczenia – od roku akademickiego 2010/2011 do 2013/2014 – moduł dla uczestników studiów I stopnia na kierunku biologia
- **Komputerowe techniki analizy DNA** – ćwiczenia – w latach akademickich 2013/2014 i 2014/2015 – moduł dla uczestników studiów I stopnia na kierunku biotechnologia
- **Demonstratorium** – wykład i ćwiczenia - od roku akademickiego 2012/2013 do 2014/2015 – zajęcia rdzeniowe dla uczestników studiów I stopnia na kierunku biologia
- **Seminaria licencjackie** – w latach 2021/2022 i 2022/2023 dla uczestników studiów I stopnia na biologii i zdrowiu człowieka oraz roku akademickiego 2022/2023 dla uczestników studiów I stopnia na kierunku biologia

Prowadziłam konwersatoria z **Biomedycznych podstaw rozwoju i wychowania** dla studentów Wydziału Studiów Edukacyjnych na UAM w roku akademickim 2012/2013 oraz ćwiczenia laboratoryjne z **Genetyki sądowej** dla uczestników studium podyplomowego z Biologii Sądowej na Wydziale Biologii UAM w latach akademickich 2015/2016 i 2016/2017.

W maju 2019 roku prowadziłam zajęcia na **Uniwersytecie Jagiellońskim** w ramach kursu „**Antropologia stosowana**” dla kierunku biologia II stopnia w projekcie „Sprostać oczekiwaniom pracodawców! Dostosowanie programu kształcenia kierunku UJ biologia II stopnia do potrzeb otoczenia społeczno-gospodarczego”, współfinansowanym ze środków Europejskiego Funduszu Społecznego, Program Operacyjny Wiedza Edukacja Rozwój.

#### Zajęcia prowadzone w j. angielskim:

- **Applications of ancient DNA studies** – ćwiczenia i konwersatoria – dla uczestników szkoły doktorskiej na Wydziale Biologii UAM w latach akademickich 2019/2020 i 2020/2021
- **Journal Club** – konwersatorium – w roku akademickim 2021/2022 dla studentów studiów II stopnia na kierunku biologia i zdrowie człowieka

Pełniłam funkcję **promotora pomocniczego w 2 przewodach doktorskich**, które zakończyły się obronami w latach 2019 i 2021:

- Maciej Chyleński – Wydział Archeologii, Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu, tytuł pracy doktorskiej: Ancient DNA in recognizing the kinship structure and migration patterns of Anatolian and European Neolithic communities; otwarcie przewodu doktorskiego – uchwała Rady Wydziału z dnia 14 czerwca 2016 roku. **Przewód zakończony nadaniem stopnia doktora 11 czerwca 2019 roku.**
- Barbara Mnich – Zakład Antropologii, Instytut Zoologii i Badań Biomedycznych, Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie, tytuł pracy doktorskiej: Gęstość kości a strategie odżywiania subfosalnych populacji ludzkich z terenu południowej Polski w świetle analiz molekularnych i izotopowych; otwarcie przewodu doktorskiego – uchwała Rady Wydziału z dnia 20 czerwca 2017 roku. **Przewód zakończony nadaniem stopnia doktora 29 czerwca 2021 roku.**

Do października 2022 roku byłam promotorem 6 prac licencjackich oraz 1 magisterskiej. Obecnie mam pod swoją opieką 2 licencjatów. Tematyka prac dyplomowych dotyczy badań aDNA, w tym m.in. możliwości wykorzystania go do rekonstrukcji pochodzenia i migracji populacji pradziejowych z różnych regionów świata i okresów czasowych, rekonstrukcji cech fenotypowych, również w kontekście

nietolerancji/tolerancji laktozy oraz metod używanych w określaniu pokrewieństwa, które stosowane są zarówno w badaniach aDNA, jak i genetyce sądowej.

W ramach podnoszenia własnych kompetencji dydaktycznych, brałam udział w szkoleniach prowadzonych dla pracowników naukowo-dydaktycznych, w programie Zintegrowanego Centrum Podnoszenia Kompetencji, który współfinansowany był przez Unię Europejską, w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego. Szkolenia obejmowały język angielski dla zaawansowanych (B1/B2 do C1) - 120h w roku akademickim 2017/2018, kurs tworzenia grafiki w Gimpie - 24h w 2017 roku oraz aplikacje CADowskie - praktyka i zastosowania w pracy dydaktycznej - 24h w 2017 roku.

### Osiągnięcia organizacyjne

Od 2019 roku jestem członkiem Rady Dyscypliny Nauki Biologiczne. W latach 2010-2011 byłam członkiem komisji ds. infrastruktury Wydziału Biologii. Ponadto w latach 2011-2012. Przy wsparciu prof. UAM dr hab. Mirosławy Dabert z Laboratorium Technik Biologii Molekularnej oraz prof. dr hab. Janusza Pionka z Instytutu Biologii i Ewolucji Człowieka, **doprowadziłam do powstania specjalistycznego laboratorium kopalnego DNA**, jednego z nielicznych w Polsce, przystosowanego do pracy z aDNA człowieka. Wzorując się na wysokiej klasy czystości laboratoriach, w jakich miałam okazję pracować na Uniwersytecie Kopenhaskim, wprowadziłam do projektu laboratorium kilka istotnych, z punktu widzenia aDNA, rozwiązań technicznych tj. śluza, system wentylacji wytwarzający nadciśnienie zaopatrzone w wysokiej klasy czystości filtry HEPA, czy automatyczny system lamp UVC sterylizujących powierzchnie pracy. W laboratorium istnieje wyłącznie tzw. strefa pre-PCR, w której przeprowadzane są izolacje DNA, tworzone biblioteki genomowe i przygotowywane reakcje PCR. Określone zasady dotyczą też samych osób pracujących w laboratorium tj. obowiązek noszenia kombinezonów, maseczek i podwójnych rękawic. Dzięki powyższym zasadom, maksymalnie zredukowaliśmy możliwość zanieczyszczenia badanych materiałów egzogennym DNA. Doprowadziłam do powstania grupy badawczej skupionej na tematyce analizy aDNA na Wydziale Biologii UAM. Byłam promotorem pomocniczym doktoranta, ówczesnie studenta archeologii na UAM, a obecnie adiunkta i członka naszego zespołu (dr Macieja Chyleńskiego), którego praca dotyczyła badań aDNA populacji neolitycznych. Wyszkoliłam również trzech techników, którzy prowadzili analizy w laboratorium aDNA. Uczestniczyłam w konstruowaniu szeregu wniosków grantowych we współpracy z kolegami z innych uczelni i instytutów, w których badania aDNA stanowiły integralne części oraz nadzorowałam prace studentów, którzy odbywali praktyki w laboratorium aDNA.

### Popularyzacja nauki

Uczestniczyłam w szeregu działań popularyzujących naukę, a wyniki prowadzonych przeze mnie badań popularyzuję również przygotowując artykuły do prasy oraz udzielając wywiadów:

- Brałam udział w DNIACH AKADEMICKICH organizowanych w latach 2018, 2019 i 2023 na Wydziale Biologii UAM, podczas których prowadziłam zajęcia warsztatowe dla licealistów.
- W ramach inicjatywy "szkół patronackich" organizowanej przez Wydział Biologii UAM dla szkół średnich, wygłosiłam prelekcję na temat badań aDNA w Międzyrzeczu w 2016 roku.
- Udzieliłam obszernego wywiadu dla miesięcznika „Newsweek Historia” na temat „Skąd się wzięli Słowianie” w 2017 roku (<https://www.newsweek.pl/historia/skad-sie-wzieli-slowianie/5h4h0bm>).
- Na łamach miesięcznika „Życie Uniwersyteckie” wydawanego przez Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, dwukrotnie ukazały się teksty dotyczące badań prowadzonych w laboratorium aDNA. Pierwszy z nich opublikowany został w 2019 roku pt. „Dr Anna Juras. Na

tropie kopalnego DNA”, a drugi tekst w 2020 roku pt. „Królewskie laboratorium UAM bada DNA Piastów”.

- Publikowane były wywiady dla serwisu internetowego PAP Nauka w Polsce pt. „W Poznaniu działa laboratorium kopalnego DNA” (w 2012 roku) i „Co wiemy o ciągłości zasiedlenia obecnych ziem Polski na przełomie neolitu i epoki brązu?” (w 2020 roku).
- Udzieliłam wywiadu w 2020 roku dla TVP World „BRONZE AGE DNA what can it tell us about POLES?-INTERVIEW– Poland In” (<https://www.youtube.com/watch?v=mRh-uvS1ufU&t=123s>)
- W grudniu 2022 roku nagrałam podcast pt. „Jak zbadać DNA organizmów, które wymarły wiele tysięcy lat temu” (<https://www.totylkoteoria.pl/anna-juras-kopalne-dna-svante-paabo/>).
- Prowadziłam prelekcje na temat aDNA podczas seminariów organizowanych dla studentów Wydziału Archeologii UAM, jak również dla pracowników i doktorantów Laboratorium Genomiki i Bioinformatyki w Instytucie Genetyki Molekularnej Czeskiej Akademii Nauk w Pradze i Human Evolution, Department of Organismal Biology na Uniwersytecie w Uppsali, w Szwecji.

**7. Oprócz kwestii wymienionych w pkt. 1-6, wnioskodawca może podać inne informacje, ważne z jego punktu widzenia, dotyczące jego kariery zawodowej**

Za osiągnięcia naukowe otrzymałam następujące nagrody:

- Nagroda zespołowa I stopnia Rektora UAM za osiągnięcia naukowe w 2021 roku
- Nagroda zespołowa I stopnia Rektora UAM za osiągnięcia naukowe w 2019 roku
- Nagroda zespołowa I stopnia Rektora UAM za osiągnięcia naukowe w 2018 roku
- Stypendium Rektora UAM za indywidualne osiągnięcia naukowe w 2018 roku
- Nagroda zespołowa I stopnia Rektora UAM za osiągnięcia naukowe w 2017 roku
- Stypendium Rektora UAM za indywidualne osiągnięcia naukowe w 2017 roku

Za osiągnięcia naukowe otrzymałam również 2 stypendia w ramach projektu „Inicjatywa Doskonałości - Uczelnia Badawcza (ID-UB)” na UAM:

- 24-miesięczne stypendium (2022-2024) tzw. „premia okresowa” dla najbardziej produktywnej naukowo doświadczonej kadry („bonus dla doświadczonych”)
- 24-miesięczne stypendium (2020-2022) tzw. „premia okresowa” dla najbardziej produktywnej naukowo młodej kadry („bonus dla młodych”)

.....  
(podpis wnioskodawcy)