



Adrian Jarosz

ORCID: 0009-0007-6716-0681

Stowarzyszenie Twoje Korzenie w Polsce

3 x DNA. DNA w badaniach archiwalnych, genealogiczno-historycznych oraz jako nośnik informacji

DNA in archival, genealogical and historical research and as data storage

SŁOWA KLUCZOWE: DNA, archiwistyka, genealogia, genetyka, nośnik danych

KEY WORDS: DNA, archival science, genealogy, genetics, data storage

ABSTRAKT: Artykuł opisuje nowe możliwości badań z zastosowaniem analizy DNA. Opisano kilka przykładów wykorzystania nowej technologii w badaniach archiwalnych (historycznych) i genealogicznych, a także przedstawiono potencjał DNA jako nośnika informacji. Przywołane przykłady pokazują, że analiza genetyczna może potwierdzić albo obalić wcześniejsze przypuszczenia.

ABSTRACT: The article explores new research possibilities through the application of DNA analysis. Several examples of this new technology being used in archival (historical) and genealogical studies are described, highlighting the potential of DNA as data storage. The provided examples demonstrate that genetic analysis has the capability of either confirming or debunking previous assumptions.

Badanie przeszłości od lat fascynuje ludzi. Wraz z postępem technologii, analiza wyników DNA stała się kolejnym narzędziem otwierającym nowe perspektywy badawcze. W tym opracowaniu przybliżono najważniejsze osiągnięcia związane z wdrażaniem nowoczesnych technologii, a także opisano wyniki kilku przykładów efektywnego wykorzystania metodologii z użyciem analizy DNA w różnych dziedzinach nauki.

Kilka słów o terminologii

Genetyka przeszła ewolucję nie tylko pod względem technologicznym, ale również terminologicznym. Jest to niezwykle istotne z dzisiejszej perspektywy, kiedy coraz większą uwagę zwraca się na etyczność badań, a niewątpliwie wiele pojęć używanych do opisywania DNA ma swój rodowód w antropologii fizycznej, która po II wojnie światowej pozostawiła piętno w postrzeganiu człowieka przez pryzmat jego pochodzenia¹. „[...] Nie możemy pozwolić, aby Hitler dyktował nam po pół wieku, jakie dziedziny nauki możemy uprawiać”².

Podstaw genetyki można doszukiwać się w odkryciach Grzegorza Mendla³ z połowy XIX w. Sam zaś termin genetyka został zaproponowany podczas konferencji w 1906 r. przez Williama Batesona⁴. Od 1949 r. wiele odkryć i wyników badań zaczęto publikować w osobnym periodyku “The American Journal of Human Genetics” (AJHG)⁵. Rewolucyjny był przełom XX i XXI w., kiedy pojawiły się pierwsze doniesienia o udanym sekwencjonowaniu genomu ludzkiego⁶.

Język, którym opisywane są wyniki badań genetycznych, również uległ dość znaczącym zmianom. W szczególności, coraz rzadziej używa się terminu „rasa” na rzecz innych określeń: „pochodzenie” (*ancestry*)⁷, „domieszki” (*admixture*)⁸, „etniczność” (*ethnicity*)⁹, „pochodzenie biogeograficzne” (*biogeographical ancestry*)¹⁰. Przykładowo, w latach 2009–2018 określenie „rasa” pojawia się tylko wśród 4% wszystkich artykułów opublikowanych

¹ Karin Bojs, *Moja europejska rodzina. Pierwsze 54 000 lat*, tłum. Urszula Gardner, Kraków 2018, s. 377–385.

² Słowa szwedzkiego biologa Svante Pääbo, cyt. za: K. Bojs, *Moja europejska rodzina...*, s. 380.

³ Marta M. Gabryelska, Maciej Szymański, Jan Barciszewski, *DNA – cząsteczka, która zmieniła naukę. Krótka historia odkryć*, „Nauka” 2009, nr 2, s. 111.

⁴ *Ibidem*, s. 117.

⁵ “American Journal of Human Genetics” (AJHG), <https://www.cell.com/ajhg/home> (odczyt: 07.06.2023).

⁶ Charles N. Rotimi, Adebowale A. Adeyemo, *From one human genome to a complex tapestry of ancestry*, “Nature” 2021, t. 590, s. 220.

⁷ Bruce R. Korf, *Describing human populations: An evolving picture in human genetics research*, “American Journal of Human Genetics” 2021, t. 108, nr 12, s. 2207.

⁸ Grażyna Rychlik, *Genealogia i DNA*, Warszawa 2019, s. 172.

⁹ *Ibidem*, s. 177.

¹⁰ *Ibidem*, s. 19.

w AJHG¹¹. Terminy „etniczność” i „pochodzenie” znalazły zastosowanie również w komercyjnych badaniach genetycznych¹². Jest to niezwykle chwytliwy termin oddziałujący na wyobraźnię przeciętnego konsumenta. W początkach genetyki konceptualizacja opisująca geograficzne i populacyjne wariacje była problematyczna. Pomimo znacznych postępów w genetyce i genomice, jak widać, nie istnieją jednoznaczne trendy w opisywaniu różnorodności genetycznej¹³, które równolegle rozwijają się w przestrzeni naukowej, jak i na rynku usług komercyjnych¹⁴. Głównym wyzwaniem jest pogodzenie dziedzictwa naukowego z błędnymi terminami i założeniami, które były używane w antropologii fizycznej w kontekście esencjalistycznych podstaw biologicznego rasizmu, przyczyniając się do społecznego rozwarstwienia¹⁵.

W komercyjnych badaniach genetycznych, mimo odrzucenia idei kategorii rasowych, terminologia ta nadal jest używana (np. Bałtowie, Żydzi, Wschodni Europejczycy i Rosjanie, Germanie itp.)¹⁶. Kategorie „etniczności” zostały wprowadzone jako informacja o przodkach (populacjach), jednak definicja tej kategorii pozostaje dalej – w pewnym sensie – robocza¹⁷. Niektórzy sugerują, że rozwiązaniem mogłoby być osiągnięcie konsensusu przez wydanie i opracowanie jasnych standardów przez National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine lub przez inne instytucje naukowe, co mogłoby zakończyć problem stosowania określeń takich jak „rasa” i „etniczność”, kojarzących się z nacjonalizmem i nieludzkimi badaniami antropologicznymi upolitycznionych ośrodków badawczych¹⁸.

Podsumowując, analiza materiału genetycznego odgrywa ważną rolę w badaniach ewolucji. Używając zaś bardziej naukowej, niekomercyjnej terminologii, metody analizy DNA pozwalają na szacowanie różnic

¹¹ Yen Ji Julia Byeon i in., *Evolving use of ancestry, ethnicity, and race in genetics research – A survey spanning seven decades*, “American Journal of Human Genetics” 2021, t. 108, nr 12, s. 2215.

¹² Jeffrey Adrion i in., *Ethnicity Estimate 2022 White Paper*, s. 1, <https://www.ancestry.com/> (odczyt: 14.06.2023).

¹³ Y. Byeon, *Evolving...*, s. 2215.

¹⁴ G. Rychlik, *Genealogia...*, s. 47.

¹⁵ Y. Byeon, *Evolving...*, s. 2215.

¹⁶ Jeffrey Adrion i in., *Ethnicity Estimate 2022...*, s. 11–14.

¹⁷ Y. Byeon, *Evolving...*, s. 2215.

¹⁸ *Ibidem*, s. 2215.

w obrębie populacji przy użyciu markerów genetycznych¹⁹. Te charakterystyczne wskaźniki opierają się na różnych polimorfizmach, takich jak SNP, SSLP, RFLP, VNTR, STR, które stają się fundamentem wnioskowania na temat historii gatunków²⁰.

Badania historii ludzkości z wykorzystaniem analizy DNA można podzielić na dwa główne sposoby: analizę genomów obecnie żyjących osób oraz badanie DNA wyekstrahowanego z kopalnych szczątków ludzkich²¹. Odkrycia genetyczne wykazały, że ewolucja archaicznych istot ludzkich jest bardziej złożona, niż pierwotnie sądzono, jak np. zaskakujące związki neandertalczyków z *homo sapiens* oraz istnienie nieznanymi nauce odrębnych grup ludzkich. Ślady genetyczne wymarłych populacji nadal są obecne w genomie współcześnie żyjących ludzi²². Najstarsze pozyskane ludzkie DNA, liczące około 430 tys. lat, pochodzi ze szczątków znalezionych w La Sima de los Huesos w Hiszpanii²³.

DNA w badaniach archiwalnych

Analiza DNA otwiera nowe horyzonty metodologiczne w badaniu nie tylko historii człowieka jako gatunku ludzkiego i jego ewolucji, ale także w antropologii i archiwistyce, gdzie można pobrać próbki z narzędzi i materiałów, którymi posługiwali się nasi przodkowie. Próbkę wyizolowanego materiału biologicznego (DNA) pochodzącego z martwego organizmu określa się jako tzw. antyczny DNA (aDNA)²⁴. Prześledźmy proces analizy genetycznej, który pozwolił na rzucenie nowego światła na historię jednego z najcenniejszych obiektów przechowywanych w Archiwum Narodowym w Krakowie.

W 2013 r. rozpoczęły się przygotowania do gruntownego przebadania aktu lokacyjnego miasta Krakowa z 1257 r.²⁵ Dyrektor Archiwum Narodowego w Krakowie powołał zespół ekspertów pod przewodnictwem prof. Elżbiety Jabłońskiej z Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu.

¹⁹ Piotr Węgleński, *Antyczny DNA i inżynieria genetyczna*, Warszawa 2022, s. 13.

²⁰ *Ibidem*, s. 19–20.

²¹ *Ibidem*, s. 79.

²² *Ibidem*, s. 4.

²³ *Ibidem*, s. 94.

²⁴ W literaturze można spotkać również alternatywne tłumaczenie terminu *ancient DNA* jako „kopalne DNA”.

²⁵ ANK, Zbiór dokumentów pergaminowych, sygn. 29/657/2.

Ustalono zakres badań, konserwacji oraz sposób dalszego przechowywania. Był to kompleksowy projekt, w który zaangażowali się specjaliści z zakresu historii i chemii oraz konserwacji papieru, skóry i tkaniny. Zaproponowano również wykonanie badań mikrobiologicznych oraz genetycznych dokumentu²⁶.

Szczegółowy opis tych badań jest tematem innego artykułu tego rocznika²⁷. Tutaj nadmienię tylko, że dzięki badaniom prof. Tomasza Lecha z Katedry Mikrobiologii Uniwersytetu Ekonomicznego w Krakowie²⁸ udało się zidentyfikować skóry, z których wykonano pergamin (a właściwie dwa różne pergaminy)²⁹. Tym samym podważono słuszność hipotezy, że domniemany brakujący fragment aktu lokacyjnego, tj. pieczęć Bolesława Wstydlivego, był pierwotnie integralną częścią aktu lokacyjnego³⁰.

Podobne badania przeprowadzono przy analizie Traktatu Waitangi, najcenniejszego dokumentu Nowej Zelandii, sygnowanego w 1840 r. przez Brytyjską Koronę i maoryskich przywódców. Gubernator Nowej Zelandii uznał w nim maoryską własność ziemi, a także nadał im prawa obywateli brytyjskich. W tym przypadku technologia pozwoliła na potwierdzenie istnienia brakującej części dokumentu³¹.

Analizy rękopisów przechowywanych w Opactwie Orval (*Abbaye Notre-Dame d'Orval*), świątyni cystersów założonej w 1132 r. w Gaume, w Belgii,

²⁶ Barbara Berska, *Zabezpieczenie aktu lokacyjnego miasta Krakowa, jednego z najcenniejszych dokumentów z zasobu Archiwum Narodowego w Krakowie*, „Krakowski Rocznik Archiwalny” 2013, t. 19, s. 163.

²⁷ Zob. Małgorzata Bochenek, Tomasz Lech, *Pierwsze badania dokumentu lokacyjnego miasta Krakowa – ocena stanu zachowania, integralność zachowanej luzem pieczęci Bolesława Wstydlivego z dokumentem*, „Krakowski Rocznik Archiwalny” 2024, t. 30, s. 19–43.

²⁸ *Mikrobiologiczne badania historycznych dokumentów*, <https://www.radiokrakow.pl>, 22.06.2019 (odczyt: 28.06.2023).

²⁹ Tomasz Lech, *A Discovered Ducal Seal Does Not Belong to the Incorporation Charter for the City of Krakow Solving the Mystery Using Genetic Methods*, “PLOS ONE” 2016, s. 1–12, DOI: 10.1371/journal.pone.0161591 (odczyt: 21.06.2023).

³⁰ Krystyna Jelonek-Litewka, *Czy odnaleziona pieczęć Bolesława Wstydlivego jest pieczęcią oderwaną od aktu lokacyjnego miasta Krakowa?*, „Krakowski Rocznik Archiwalny” 2003, t. 9, s. 32; T. Lech, *A Discovered Ducal...* (odczyt: 21.06.2023).

³¹ Lara D. Shepherd, Peter Whitehead, Anna Whitehead, *Genetic analysis identifies the missing parchment of New Zealand's founding document, the Treaty of Waitangi*, “PLOS ONE” 2019, s. 1–11, DOI: 10.1371/journal.pone.0210528 (odczyt: 04.08.2023).

stanowią kolejny przykład świadectwa wykorzystania nowych technologii (biokodykologia³²) w badaniach średniowiecznych manuskryptów³³.

Na podstawie księgozbioru biblioteki opactwa przechowywanego w Archiwum Państwowym w Arlon³⁴ przeprowadzono analizę, która pozwoliła oszacować skład gatunkowy skór użytych do produkcji rękopisów. Wyniki te dostarczają nam cennych informacji na temat wykorzystywanych surowców w tamtych czasach: 56,4% rękopisów zostało sporządzonych na skórze owczej, 29,7% na skórze cielęcej, 3,8% na skórze koziej, a pozostałe nie zostały jednoznacznie zidentyfikowane³⁵.

Interesujący jest związek między wyborem skóry a treścią rękopisów. Wszystkie manuskrypty z zapisami biblijnymi (tzw. święte księgi) zostały spisane na skórze cielęcej, uznawanej za najdroższy materiał. Skóra ta była ceniona jako surowiec do produkcji pergaminów z uwagi na niższą zawartość tłuszczu niż skóra owcza. Zatem, taka powierzchnia była doskonałym nośnikiem atramentu. Ponadto, badania potwierdziły, że skóra kozia była incydentalnie używana w północnej części Europy. Odpowiada to faktom historycznym: stada kóz były tam rzadkością, co wpływało na niską dostępność tego surowca³⁶.

Z perspektywy dzisiejszych możliwości technologicznych pergamin jawi się jako nośnik dualistycznej informacji. Oprócz warstwy tekstowej można „odczytać” także informacje biologiczne, które stanowią pełniejszy wgląd na kulturę piśmienniczą średniowiecza, dostarczając nam wiedzy o praktykach rzemieślniczych i gospodarczych tamtych czasów.

DNA w badaniach genealogicznych

W związku z tym, że Archiwum Narodowe w Krakowie jest również „kopalnią wiedzy” do badań genealogicznych, warto zarysować także potencjał wykorzystania tych materiałów źródłowych w oparciu na analizie DNA.

³² Biokodykologia – dyscyplina naukowa zajmująca się badaniem manuskryptów z uwzględnieniem informacji biologicznej.

³³ Nicolas Ruffini-Ronzani i in., *A biocodicological analysis of the medieval library and archive from Orval Abbey, Belgium*, “Royal Society Open Science” 2021, t. 8, z. 6, s. 1–14, DOI: 10.1098/rsos.210210 (odczyt: 11.08.2023).

³⁴ *Inventaire des archives de l'abbaye Notre-Dame d'Orval, 1173–1796*, <https://search.arch.be> (odczyt: 07.06.2023).

³⁵ N. Ruffini-Ronzani i in., *A biocodicological...* (odczyt: 11.08.2023).

³⁶ *Ibidem*.

Szczegółowo na temat samych źródeł genealogicznych pisała Karolina Gołąb-Malowicka³⁷. Na potrzeby tego artykułu warto wymienić chociażby: akta stanu cywilnego³⁸, spisy ludności³⁹ czy akta komisji porządkowej cywilno-wojskowej⁴⁰. Wszystkie wymienione materiały źródłowe, a także wiele innych, pozwalają na prowadzenie poszukiwań genealogicznych w ograniczonym zakresie.

Prześledźmy podstawowe źródła do badań genealogicznych na przykładzie wsi Michałowice. Rozpocząć można od akt zespołu Gminy Michałowice, gdzie znajdują się księgi meldunkowe z 1950 r.⁴¹, a starsze księgi ludności w zespole Urząd Gminy w Michałowicach⁴². Ze źródeł XX-wiecznych na uwagę zasługują jeszcze katalogi uczniów ze Szkoły Powszechnej w Michałowicach⁴³.

Cofając się do XIX w., można zrekonstruować genealogię opartą na faktach (urodzeniach, ślubach i zgonach) do 1810 r., wykorzystując jednostki archiwalne z zespołu Akta stanu cywilnego Parafii Rzymskokatolickiej w Więclawicach⁴⁴. Następnie można rozszerzyć poszukiwania o zapisy spisów Komisji Porządkowej z lat 1790–1791⁴⁵. Końcówka XVIII w. stanowi granicę tych najprostszych poszukiwań. Informacje o pokoleniach żyjących wcześniej można znaleźć w Archiwum Parafialnym, którego zasoby

³⁷ Zob. Karolina Gołąb-Malowicka, *Źródła do badań genealogicznych w Archiwum Narodowym w Krakowie. Poradnik genealogiczny*, Kraków 2022; eadem, *W poszukiwaniu przodków. Źródła do badań genealogicznych w Archiwum Państwowym w Krakowie*, Kraków 2008; Kamila Follprecht, *Jesteśmy z Krakowa? Jak to sprawdzić, czyli źródła do badań genealogicznych z zasobu Archiwum Narodowego w Krakowie*, [w:] *Skąd przyszliśmy? Kim jesteśmy? Dokąd zmierzamy? Wokół badań nad genealogią*, red. Przemysław Jędrzejewski, Jakub Pieczara, Kraków 2021, s. 15–21.

³⁸ K. Gołąb-Malowicka, *Źródła...*, s. 13–15.

³⁹ *Ibidem*, s. 19.

⁴⁰ Zob. Przemysław Jędrzejewski, *Akta Komisji Porządkowych Cywilno-Wojskowych (1790–1794)*, „*Krakowski Rocznik Archiwalny*” 2013, t. 19, s. 129–160.

⁴¹ ANK, Gmina Michałowice, sygn. 29/1094/Gm M 61–63.

⁴² ANK, Urząd Gminy w Michałowicach, sygn. 29/1967/135–136.

⁴³ ANK, Szkoła Powszechna w Michałowicach, sygn. 29/1932/1–63.

⁴⁴ ANK, zespół 29/377, Akta stanu cywilnego Parafii Rzymskokatolickiej w Więclawicach.

⁴⁵ ANK, Akta Komisji Porządkowej Cywilno-Wojskowej Województwa Krakowskiego, sygn. 29/30/3/43 (Spisy ludności województwa krakowskiego z lat 1790–1791: IV. Parafie powiatu krakowskiego na lit. R–Z).

są również dostępne online na stronie Małopolskiej Biblioteki Publicznej⁴⁶. Natomiast najstarsze księgi metrykalne tej parafii (od 1615 r.) znajdują się w Muzeum Regionalnym w Miechowie⁴⁷. Zatem, w przypadku więclawickiej parafii, rok 1615 można uznać za symboliczną granicę możliwości tradycyjnych poszukiwań genealogicznych opartych na źródłach pisanych.

Łączenie genealogii tradycyjnej z genetyczną otwiera nowe możliwości analiz. Nowe technologie znajdują zastosowanie w uzupełnianiu brakujących źródeł pisanych⁴⁸. Śląski projekt Silesia DNA⁴⁹ oraz podlaski DNA Szlachty⁵⁰ stanowią doskonały przykład tego, jak komercjalizacja badań genetycznych wpłynęła na rozwój genealogii, umożliwiając analizy zarówno profesjonalistom, jak i amatorom. Na portalu FTDNA⁵¹ można odnaleźć wiele innych projektów, lepiej lub gorzej zorganizowanych, opartych na analizie chromosomu Y.

Obecnie trwają również zinstytucjonalizowane badania na terenie Polski. Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Politechnika Poznańska oraz Centrum Badań DNA tworzą specjalistyczną infrastrukturę bioinformatyczną w ramach projektu Genomiczna Mapa Polski (GMP), ukierunkowaną na stworzenie polskiego genomu referencyjnego oraz mapę zmienności genetycznej⁵².

Projekt Silesia DNA to przykład nieinstytucjonalnej działalności zapoczątkowanej w 2016 r. przez członków Górnośląskiego Towarzystwa Genealogicznego⁵³. W projekcie zbierane są informacje z trzech rodzajów DNA: autosomalnego (atDNA), chromosomu Y (Y-DNA) oraz mitochondrialnego DNA (mtDNA)⁵⁴. Wyniki dostępne są na stronie projektu w postaci drzewa

⁴⁶ *Księga metrykalna parafii Więclawice*, <http://mbc.malopolska.pl/publication/86487> (odczyt: 18.08.2023).

⁴⁷ Mateusz Wyżga, *Księgi metrykalne parafii podkrakowskich z XVI–XVIII w.*, „Rocznik Lubelskiego Towarzystwa Genealogicznego” 2010, t. 2, s. 134.

⁴⁸ Krzysztof Bulla, *Praktyczne możliwości wykorzystania genealogii genetycznej na przykładzie wstępnych wyników Projektu Silesia DNA*, „Rocznik Muzeum »Górnośląski Park Etnograficzny w Chorzowie«” 2018, t. 6, s. 89.

⁴⁹ *Projekt SILESIA*, <https://siliusradicum.pl/projekt-silesia> (odczyt: 25.08.2023).

⁵⁰ *DNA Szlachty*, <https://kapica.org.pl/dna-szlachty> (odczyt: 25.08.2023).

⁵¹ *FamilyTree DNA* (FTDNA), <https://www.familytreedna.com> (odczyt: 25.08.2023).

⁵² *Genomiczna Mapa Polski*, <https://portal.ichb.pl/genomiczna-mapa-polski> (odczyt: 25.08.2023).

⁵³ K. Bulla, *Praktyczne...*, s. 92.

⁵⁴ *Ibidem*, s. 94.

filogenetycznego⁵⁵ oraz mapy występowania poszczególnych haplogrup⁵⁶, a także na portalu FTDNA⁵⁷. Celem projektu jest odpowiedzenie na pytanie: czy Ślązacy są ze sobą spokrewnieni w linii męskiej?⁵⁸

Analiza chromosomu Y dostarcza informacji o haplogrupie. Pozwala ona skutecznie odpowiedzieć na pytanie, czy osoby noszące to samo nazwisko są ze sobą spokrewnione⁵⁹. Zatem w pewnych przypadkach wiedza ta może posłużyć jako substytut materiałów źródłowych. Wiarygodny opis takiego podejścia do analizy przedstawił Krzysztof Bulla, który na podstawie analizy DNA potomków rodu Mitrengów (okolice Kuźni Raciborskiej i Mokrego) zrekonstruował tablicę genealogiczno-genetyczną. Wyników nie udało się uzyskać tradycyjnymi metodami genealogicznymi⁶⁰. Na podstawie DNA potomków o tym samym nazwisku oraz po opracowaniu ich wywodów genealogicznych w linii męskiej, Bulla wydzielił kilka gałęzi rodu. Na podstawie źródeł pisanych linie „urywają” się na przełomie XVIII i XIX w. W DNA znajduje się więcej informacji. Po dalszej analizie wytypowano te osoby, których haplogrupy nosiły znamiona pokrewieństwa, były to I-P37 oraz I-Y3548. Sugerowałyby to, że linie te mogły się „łączyć”⁶¹, a wspólny przodek tych osób mógł żyć w czasach przed rejestracją metrykalną, ale już po ukształtowaniu się tego nazwiska. Są to jednak dalej hipotezy, które wymagają dodatkowych dowodów.

Z drugiej strony, wyniki badań genetycznych mogą potwierdzić wcześniejsze przypuszczenia albo definitywnie im zaprzeczyć. Na wielu blogach internetowych można znaleźć tysiące historii opisanych przez pasjonatów genealogii opartych na podstawie analizy DNA. Amatorskie podejście do badań wcale nie ujmuje im kunsztu metodologicznego⁶². W 2017 r. opisano przypadek Alice Collins Plebuch⁶³. Wyniki DNA nie pokrywały się z ocze-

⁵⁵ Drzewo filogenetyczne – graf przedstawiający ewolucyjne pokrewieństwo wewnątrzgatunkowe.

⁵⁶ Haplogrupa – grupa podobnych ze względu na wspólne pochodzenia haplotypów.

⁵⁷ *The Project Silesia*, <https://www.familytreedna.com/groups/silesia-slask-schlesien/about> (odczyt: 25.08.2023).

⁵⁸ K. Bulla, *Praktyczne...*, s. 106.

⁵⁹ *Ibidem*, s. 108.

⁶⁰ *Ibidem*, s. 110.

⁶¹ *Ibidem*.

⁶² K. Bulla, *Praktyczne...*, s. 80.

⁶³ Libby Copeland, *Who was she? A dna test only opened new mysteries*, <https://www.washingtonpost.com/>, 27.07.2017 (odczyt: 01.09.2023).

kiwaniami. Algorytm zasugerował, że znaczna część genomu jest charakterystyczna dla potomków Żydów. Nie byłoby w tym nic zaskakującego, gdyby nie fakt, że Alice wychowywała się w kulturze irlandzkich katolików i takie pochodzenie przypisywała też swojemu nieżyjącemu już ojcu i przodkom od strony matki. Kolejne badania, w innych firmach, również dawały podobne wyniki, co ewidentnie wykluczyło błędną interpretację. Uznanie, że jej biologiczni dziadkowie mogli być ukrywającymi się Żydami, było pierwszym przypuszczeniem. Jej kilkuletnie badania doprowadziły do wyśledzenia dość nietypowego wydarzenia. W 1913 r. w szpitalu urodziło się dwóch chłopców – irlandzkiego i żydowskiego pochodzenia. Jednym z nich był ojciec Alice⁶⁴.

Alice dotarła do potomków tego drugiego dziecka. Okazało się, że była to rodzina z tradycjami żydowskimi. Po przeprowadzeniu kolejnych testów wyniki pokazały, że potomkowie tego drugiego dziecka posiadają sekwencje DNA charakterystyczne dla mieszkańców Wysp Brytyjskich. Udało się potwierdzić, że dzieci zostały pomyłone w szpitalu, a ich rodzice pewnie nie byli świadomi tego, że wychowywali nie swoje dzieci. Gdyby nie dociekliwość ich potomków, fakt ten mógłby nigdy nie zostać wykryty⁶⁵.

Mimo teoretycznych braków, badania genetyczne stanowią cenne narzędzie dla amatorskiej genealogii. Jak się okazuje, specjalistyczna wiedza nie jest potrzebna do przeprowadzenia podstawowych poszukiwań na bazie dostępnych narzędzi analitycznych DNA, takich jak DNA Painter⁶⁶, The Shared cM Project⁶⁷, GEDmatch⁶⁸ oraz wielu innych dostępnych darmowo i odpłatnie online. Komercjalizacja badań genetycznych przyczynia się do rozwoju genetyki⁶⁹. Firmy specjalizujące się w tych usługach tworzą własne bazy danych⁷⁰. Oparte są w głównej mierze na próbkach osób, które zakupiły usługę. Tego typu bazy stanowią kluczowy element amatorskich badań, umożliwiając porównywanie wyników oraz szukanie podobieństw

⁶⁴ *Meet Alice Plebuch, A Woman Who Discovered That Her Father Was Switched at Birth*, <https://www.youtube.com/watch?v=ocvJnQfymek> (odczyt: 01.09.2023).

⁶⁵ G. Rychlik, *Genealogia...*, s. 128–129.

⁶⁶ *DNA Painter*, <https://dnainter.com> (odczyt: 25.08.2023).

⁶⁷ *The Shared cM Project 4.0 tool v4*, <https://dnainter.com/tools/sharedcmv4> (odczyt: 25.08.2023).

⁶⁸ *GEDmatch*, <https://www.gedmatch.com> (odczyt: 25.08.2023).

⁶⁹ K. Bulla, *Praktyczne...*, s. 80.

⁷⁰ Np. Ancestry, 23 and Me, My Heritage i in.

wskazujących na potencjalne pokrewieństwo. Wzrost liczby próbek w bazach zwiększa możliwości badawcze, choć nie gwarantuje znalezienia odpowiedzi na wszystkie pytania. Mimo pewnych niedoskonałości mogą być traktowane jako wartościowe źródło informacji również dla badań akademickich, przyczyniając się do budowania fundamentów i standardów tej nowej dziedziny nauki⁷¹.

Pewne obawy mogą jednak budzić szerzące się opracowania amatorskich badaczy, którzy bagatelizują perspektywę czasową, usilnie łącząc fakty odległe o kilkaset lat, aby udowodnić swoje założenia na temat własnych przodków. Wzrost popularności komercyjnych badań genetycznych przyciąga uwagę samozwańczych „specjalistów” w przestrzeni internetowej. To zjawisko wpływa na percepcję dziedziny, gdzie narracje spiskowe mogą zacierać granicę między faktami a interpretacjami⁷².

DNA jako nośnik informacji

Pergamin, stosowany przez wieki, stanowił tradycyjny nośnik informacji. Jego trwałość i wyjątkowe właściwości sprawiły, że był powszechnie używany do sporządzania dokumentów, takich jak np. wspomniany wcześniej akt lokacyjny Krakowa. Gdzieś tli się w człowieku potrzeba przekazywania informacji, która towarzyszy ludzkości od tysięcy lat.

Minęło kilka wieków, zanim opracowano cyfrowy sposób zapisu danych. W dzisiejszym tempie rozwoju technologicznego generowane są gigantyczne ilości danych, których przechowywanie jest kluczowym zadaniem archiwistyki. W 2018 r. International Data Corporation (IDC)⁷³ spekulowało, że globalna sfera danych wzrośnie z 33 ZB (zettabajt) do 175 ZB w 2025 r.⁷⁴

W kontekście wykorzystania potencjału DNA warto zwrócić uwagę na jego fundamentalną cechę. DNA – wielocząsteczkowy organiczny związek chemiczny z grupy kwasów nukleinowych – pełni rolę nośnika informacji

⁷¹ Sarah Abel, Hannes Schroeder, *From country marks to DNA markers*, „Current Anthropology” 2020, t. 61, nr 22, s. 206, DOI:10.1086/709550 (odczyt: 08.09.2023).

⁷² Agnieszka Przybyła-Dumin, *Z mitologii nauki. Narracje spiskowe związane z genealogią genetyczną*, „Rocznik Muzeum »Górnośląski Park Etnograficzny w Chorzowie«” 2018, t. 6, s. 143–144.

⁷³ *International Data Corporation*, <https://www.idc.com> (odczyt: 15.08.2023).

⁷⁴ David Reinsel, John Gantz, John Rydning, *The Digitization of the World From Edge to Core*, <https://www.seagate.com> (odczyt: 15.08.2023); za: Adriana Żyła, *DNA: prawie niezniszczalny i najbardziej pojemny nośnik danych*, „Archeion” 2021, t. 122, s. 34.

genetycznej, a więc jest biologicznym nośnikiem danych. Szacuje się, że jedynie 1 gram DNA może pomieścić aż 215 PB (petabajt) danych, a jego trwałość sięgałaby wielu tysiącleci⁷⁵. Pomimo tych imponujących możliwości technologia przechowywania danych w DNA wymaga jeszcze praktycznej implementacji na szeroką skalę, a to z kolei wiąże się z koniecznością redukcji kosztów⁷⁶.

Idea przechowywania danych w DNA jest związana z podobieństwem do binarnej natury kodu cyfrowego (0, 1)⁷⁷. Proces zapisu danych w DNA to przekodowanie informacji cyfrowej na sekwencję nukleotydów, gdzie informacje binarne są kodowane przez manipulację zasadami (A, C, T, G)⁷⁸. Naukowcy podkreślają, że DNA jest obecnie idealnym następcą cyfrowych nośników danych ze względu na swoje właściwości. Obecne prace nad technologią wskazują na możliwości przechowywania danych *in vivo*⁷⁹ lub *in vitro*⁸⁰, choć oba podejścia wymagają dalszych prac nad efektywnością, przepustowością syntezy DNA i kontrolą kosztów⁸¹.

Pomimo wcześniejszych spekulacji, pierwsza udana próba zapisu danych w DNA, projekt Microvenus autorstwa Joe Davisa z MIT, miała miejsce dopiero w 1986 r. W trakcie projektu prosty kod binarny przepisano w sekwencję DNA o długości 28 par zasad, a następnie syntetyczny materiał genetyczny wstawiono do żywych komórek bakterii *Escherichia coli*⁸². W 2020 r. powstało konsorcjum DNA Data Storage Alliance⁸³, które skupia firmy, instytucje akademickie i instytuty badawcze. Jego celem jest badanie

⁷⁵ Latchesar Ionkov, Bradley Settlemyer, *DNA: The Ultimate Data-Storage Solution*, "American Scientific" 2021, <https://www.scientificamerican.com>, 28.05.2021 (odczyt: 15.08.2023); za: A. Żyła, *DNA...*, s. 35.

⁷⁶ A. Żyła, *DNA...*, s. 39.

⁷⁷ Joao Henrique Diniz Brandao Gervasio, Henrique da Costa Oliveira, Andre Guilherme da Costa Martins, Joao Bosco Pesquero, Bruno Marinaro Verona, Natalia Neto Pereira Cerize, *How close are we to storing data in DNA?*, "Trends in Biotechnology" 2023, DOI: 10.1016/j.tibtech.2023.08.001 (odczyt: 16.08.2023).

⁷⁸ A – adenina, C – cytozyna, T – tymina, G – guanina.

⁷⁹ *In vivo* – wprowadzenie materiału do komórek organizmów żywych.

⁸⁰ *In vitro* – przechowywanie materiału w probówkach, poza organizmami żywymi.

⁸¹ Aleksandra Obrępańska-Stęplowska, Maciej Ogorzałek, *Pamięć zapisana w DNA: na styku biotechnologii i informatyki*, <https://wszystkoconajwazniejsze.pl>, 4.10.2022 (odczyt: 01.12.2023).

⁸² Joe Davis, *Microvenus*, "Art Journal" 1996, t. 55, nr 1, s. 70–74; za: A. Żyła, *DNA...*, s. 35.

⁸³ *DNA Storage Alliance*, <https://dnastoragealliance.org> (odczyt: 01.12.2023).

i wdrażanie nowych systemów pamięci bazujących na DNA. W perspektywie informatyki i archiwistyki DNA ma niespotykane dotąd właściwości, z możliwością zgromadzenia dużo większej liczby „bitów” niż w innych typach pamięci⁸⁴.

Choć technologia przechowywania danych w DNA nie jest jeszcze w pełni zadowalająca, prace trwają, a prognozy na przyszłość są obiecujące. W miarę rozwoju systemów pamięci DNA, można spodziewać się rewolucji w archiwizacji danych przyczyniającej się do minimalizacji nośników i zapewniającej długoterminowe przechowywanie informacji w sposób efektywny i trwały⁸⁵.

Podsumowanie

Zastosowanie analizy DNA można znaleźć w wielu dziedzinach nauki. Celem tego opracowania było przedstawienie tylko kilku najciekawszych przykładów (w opinii autora). Podsumowując, narzędzia oparte na analizie DNA znalazły już zastosowanie w badaniach z dziedziny archiwistyki, antropologii, genealogii, informatyki i wielu innych. Równolegle rozwija się również komercjalizacja usług opartych na wiedzy genetycznej.

Mimo fascynujących perspektyw, zastosowanie DNA wiąże się z wyzwaniami. Nie brakuje ograniczeń, takich jak degradacja DNA związana z upływem czasu i warunkami przechowywania⁸⁶. Jak pokazują badania, wyizolowanie antycznego DNA jest możliwe w 50–80% przypadków z próbek wydobytych z wiecznej zmarzliny, 23–67% z obszarów umiarkowanych klimatycznie oraz tylko 2–4% z terenów gorących i suchych⁸⁷. Stanowi to istotne zagrożenie utracenia informacji⁸⁸, zarówno tej antycznej, jak i współczesnej w przypadku implementacji genetycznych nośników informacji cyfrowej.

⁸⁴ A. Obrępańska-Stęplowska, M. Ogorzałek, *Pamięć...* (odczyt: 01.12.2023).

⁸⁵ *Ibidem*.

⁸⁶ Małgorzata Dylewska, Magdalena Gryzińska, Piotr Listos, Ewa Dudzińska, *Wykorzystanie badań DNA w archeozoologii*, „Życie Weterynaryjne: czasopismo społeczno-zawodowe i naukowe Krajowej Izby Lekarsko-Weterynaryjnej” 2016, R. 61, nr 12, s. 905.

⁸⁷ *Ibidem*.

⁸⁸ Noëlie Molbert, Hamid Reza Ghanavi, Tomas Johansson, Maria Mostadius, Maria C. Hansson, *An evaluation of DNA extraction methods on historical and roadkill mammalian specimen*, “Scientific Reports” 2023, DOI: 10.1038/s41598-023-39465-z (odczyt: 17.08.2023).

Koszty syntezy DNA stanowiły dotąd istotną barierę dla pełnego wykorzystania tej technologii. Prognozy na przyszłość są jednak obiecujące. W latach 90. ubiegłego wieku zapoczątkowano Human Genom Project (HGP), którego koszt oszacowano na miliardy dolarów i trwał 12 lat⁸⁹. W 2012 r. sekwencjonowanie ludzkiego genomu kosztowało już tylko ok. 10 tys. dolarów⁹⁰. Przewiduje się, że rozwój technologii i skalowanie produkcji pozwolą na znaczące obniżenie tych kosztów w ciągu najbliższych lat, co uczyni analizę DNA jeszcze bardziej dostępną, także i dla archiwistów.

Postscriptum

Chciałbym na zakończenie dodać, że analiza DNA nie była jedynym aspektem nowoczesnych technologii wykorzystanych w tym artykule. Przyступując do pisania tekstu, postanowiłem wykorzystać model językowy sztucznej inteligencji (AI). Kiedy kończyłem pisać, pojawiły się pierwsze doniesienia o porozumieniu na temat treści ustawy regulującej wykorzystanie AI w Unii Europejskiej⁹¹. W pierwszej fazie opracowałem notatki na potrzeby tego artykułu, a następnie przekazałem je za pomocą platformy Open AI do chatbota⁹². AI po uporządkowaniu notatek wygenerowało szczegółowy plan tego artykułu. Ten sposób znacznie przyspieszył proces planowania kompozycji tekstu. Podobne wątki zostały uporządkowane, dzięki czemu mogłem bardziej skupić się na pisaniu treści właściwej artykułu z przygotowanymi przypisami z moich notatek. Należy również podkreślić, że wykorzystanie dużych modeli językowych (Large language model) należy traktować jako narzędzie wspierające proces pisania (podobnie jak korektory tekstów), które nie może być substytutem twórczej pracy autorów. W niedalekiej przyszłości powstaną też zapewne odpowiednie nakładki oparte na AI do edytorów tekstu, dzięki którym proces tworzenia przypisów również będzie zautomatyzowany⁹³.

⁸⁹ Andrzej Kochański, *Sekwencjonowanie genomu/eksomu człowieka – aspekt biologiczny*, „Studia Ecologiae et Bioloethicae” 2014, t. 12, z. 1, s. 31.

⁹⁰ *Ibidem*.

⁹¹ Artur Patrzyłas, *UE osiągnęła bezprecedensowe w skali świata porozumienie w sprawie rozwoju AI*, <https://forsal.pl>, 9.12.2023 (odczyt: 09.12.2023).

⁹² ChatGPT 3.5, <https://chat.openai.com> (odczyt: 09.12.2023).

⁹³ <https://www.citavi.com/en> (odczyt: 09.12.2023).

Czy jest to nieetyczne? Nie wiem. Wiem natomiast, że skorzystałem z narzędzia opartego na AI, podobnie jak korzystałem z edytora tekstu opracowanego przez Microsoft Office oraz pisałem na klawiaturze, ponieważ nie miałem pod ręką ani pióra, ani pergaminu. Nowoczesne zastosowanie sztucznej inteligencji w warsztacie pisarza z pewnością wpisuje się w założenia bieżącego rocznika archiwalnego, poruszającego tematy związane z nowymi technologiami.

BIBLIOGRAFIA

Źródła rękopiśmienne

Archiwum Narodowe w Krakowie

Akta Komisji Porządkowej Cywilno-Wojskowej Województwa Krakowskiego, sygn. 29/30/43 (Spisy ludności województwa krakowskiego z lat 1790–1791: IV. Parafie powiatu krakowskiego na lit. R–Z).

Akta stanu cywilnego Parafii Rzymskokatolickiej w Więclawicach, sygn. 29/377.

Gmina Michałowice, sygn. 29/1094/Gm M 61–63.

Szkoła Powszechna w Michałowicach, sygn. 29/1932/1-63.

Urząd Gminy w Michałowicach, sygn. 29/1967/135–136.

Zbiór dokumentów pergaminowych, sygn. 29/657/2.

Opracowania

Abel Sarah, Schroeder Hannes: *From country marks to DNA markers*. “Current Anthropology” 2020, t. 61, nr 22, s. 198–209. DOI: 10.1086/709550 (odczyt: 08.09.2023).

Berska Barbara: *Zabezpieczenie aktu lokacyjnego miasta Krakowa, jednego z najcenniejszych dokumentów z zasobu Archiwum Narodowego w Krakowie*. „Krakowski Rocznik Archiwalny” 2013, t. 19, s. 163.

Bochenek Małgorzata, Lech Tomasz: *Pierwsze badania dokumentu lokacyjnego miasta Krakowa – ocena stanu zachowania, integralność zachowanej luzem pieczęci Bolesława Wstydlivego z dokumentem*. „Krakowski Rocznik Archiwalny” 2024, t. 30, s. 19–43.

Bojs Karin: *Moja europejska rodzina. Pierwsze 54 000 lat*. Tłum. Urszula Gardner. Kraków: Insignis, 2018.

Bulla Krzysztof: *Praktyczne możliwości wykorzystania genealogii genetycznej na przykładzie wstępnych wyników Projektu Silesia DNA*. „Rocznik Muzeum »Górnośląski Park Etnograficzny w Chorzowie«” 2018, t. 6, s. 80–120.

Byeon Yen Ji Julia i in.: *Evolving use of ancestry, ethnicity, and race in genetics research – A survey spanning seven decades*. “American Journal of Human Genetics” 2021, t. 108, nr 12, s. 2215–2223.

Davis Joe: *Microvenus*. “Art Journal” 1996, t. 55, nr 1, s. 70–74.

- Dylewska Małgorzata, Gryzińska Magdalena, Listos Piotr, Dudzińska Ewa: *Wykorzystanie badań DNA w archeozoologii*. „Życie Weterynaryjne: czasopismo społeczno-zawodowe i naukowe Krajowej Izby Lekarsko-Weterynaryjnej” 2016, R. 61, nr 12, s. 904–908.
- Follprecht Kamila: *Jesteśmy z Krakowa? Jak to sprawdzić, czyli źródła do badań genealogicznych z zasobu Archiwum Narodowego w Krakowie*. W: *Skąd przyszliśmy? Kim jesteśmy? Dokąd zmierzamy? Wokół badań nad genealogią*. Red. Przemysław Jędrzejewski, Jakub Pieczara. Kraków: Wydawnictwo Naukowe Uniwersytetu Pedagogicznego w Krakowie, 2021, s. 15–21.
- Gabryelska Marta M., Szymański Maciej, Barciszewski Jan: *DNA – cząsteczka, która zmieniła naukę. Krótka historia odkryć*. „Nauka” 2009, nr 2, s. 111–134.
- Gervasio Joao Henrique Diniz Brandao, Oliveira Henrique da Costa, Martins Andre Guilherme da Costa, Pesquero Joao Bosco, Verona Bruno Marinaro, Cerize Natalia Neto Pereira: *How close are we to storing data in DNA?*. “Trends in Biotechnology” 2023. DOI: 10.1016/j.tibtech.2023.08.001 (odczyt: 16.08.2023).
- Gołąb-Malowicka Karolina: *W poszukiwaniu przodków. Źródła do badań genealogicznych w Archiwum Państwowym w Krakowie*. Kraków: Archiwum Państwowe w Krakowie, 2008.
- Gołąb-Malowicka Karolina: *Źródła do badań genealogicznych w Archiwum Narodowym w Krakowie. Poradnik genealogiczny*. Kraków: Archiwum Narodowe w Krakowie, 2022.
- Ionkov Latchesar, Settlemyer Bradley: *DNA: The Ultimate Data-Storage Solution*. “American Scientific” 2021, <https://www.scientificamerican>, 28.05.1012 (odczyt: 15.08.2023).
- Jelonek-Litewka Krystyna: *Czy odnaleziona pieczęć Bolesława Wstydlivego jest pieczęcią oderwaną od aktu lokacyjnego miasta Krakowa?*. „Krakowski Rocznik Archiwalny” 2003, t. 9, s. 31–38.
- Jędrzejewski Przemysław: *Acta Komisji Porządkowych Cywilno-Wojskowych (1790–1794)*. „Krakowski Rocznik Archiwalny” 2013, t. 19, s. 129–160.
- Kochański Andrzej: *Sekwencjonowanie genomu/eksomu człowieka – aspekt bioetyczny*. „Studia Ecologiae et Bioloethicae” 2014, t. 12, z. 1, s. 29–38.
- Korf Bruce R.: *Describing human populations: An evolving picture in human genetics research*. “American Journal of Human Genetics” 2021, t. 108, nr 12, s. 2207.
- Lech Tomasz: *A Discovered Ducal Seal Does Not Belong to the Incorporation Charter for the City of Krakow Solving the Mystery Using Genetic Methods*. “PLOS ONE” 2016, s. 1–12. DOI: 10.1371/journal.pone.0161591 (odczyt: 21.06.2023).
- Molbert Noëlie, Ghanavi Hamid Reza, Johansson Tomas, Mostadius Maria, Hansson Maria C.: *An evaluation of DNA extraction methods on historical and roadkill mammalian specimen*. “Scientific Reports” 2023, s. 1–9. DOI: 10.1038/s41598-023-39465-z (odczyt: 17.08.2023).
- Przybyła-Dumin Agnieszka: *Z mitologii nauki. Narracje spiskowe związane z genealogią genetyczną*. „Rocznik Muzeum »Górnośląski Park Etnograficzny w Chorzowie«” 2018, t. 6, s. 121–144.
- Rotimi Charles N., Adeyemo Adebawale A.: *From one humangenome to a complex tapestry of ancestry*. “Nature” 2021, t. 590, s. 220–221.

- Ruffini-Ronzani Nicolas i in.: *A biocodological analysis of the medieval library and archive from Orval Abbey, Belgium*. "Royal Society Open Science" 2021, t. 8, z. 6, s. 1–14. DOI: 10.1098/rsos.210210 (odczyt: 11.08.2023).
- Rychlik Grażyna: *Genealogia i DNA*. Warszawa: Grażyna Rychlik, 2019.
- Shepherd Lara D., Whitehead Peter, Whitehead Anna: *Genetic analysis identifies the missing parchment of New Zealand's founding document, the Treaty of Waitangi*. "PLOS ONE" 2019, s. 1–11. DOI: 10.1371/journal.pone.0210528 (odczyt: 04.08.2023).
- Węgleński Piotr: *Antyczny DNA i inżynieria genetyczna*. Warszawa: Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, 2022.
- Wyżła Mateusz: *Księgi metrykalne parafii podkrakowskich z XVI–XVIII w.* „Rocznik Lubelskiego Towarzystwa Genealogicznego” 2010, t. 2, s. 126–142.
- Żyła Adriana: *DNA: prawie niezniszczalny i najbardziej pojemny nośnik danych*. „Archeion” 2021, t. 122, s. 33–43.

Wydawnictwa elektroniczne

- Adrion Jeffrey i in.: *Ethnicity Estimate 2022 White Paper*, s. 1, <https://www.ancestry.com> (odczyt: 14.06.2023).
- Copeland Libby: *Who was she? A dna test only opened new mysteries*, <https://www.washingtonpost.com/>, 27.07.2017 (odczyt: 01.09.2023).
- DNA Painter, <https://dnainter.com> (odczyt: 25.08.2023).
- DNA Storage Alliance, <https://dnastoragealliance.org> (odczyt: 01.12.2023).
- DNA Szlachty, <https://kapica.org.pl/dna-szlachty> (odczyt: 25.08.2023).
- FamilyTree DNA, <https://www.familytreedna.com> (odczyt: 25.08.2023).
- GEDmatch, <https://www.gedmatch.com> (odczyt: 25.08.2023).
- Genomiczna Mapa Polski, <https://portal.ichb.pl/genomiczna-mapa-polski> (odczyt: 25.08.2023).
- International Data Corporation, <https://www.idc.com> (odczyt: 15.08.2023).
- Inventaire des archives de l'abbaye Notre-Dame d'Orval, 1173–1796, <https://search.arch.be> (odczyt: 07.06.2023).
- Księga metrykalna parafii Więclawice, <http://mbc.malopolska.pl/publication/86487> (odczyt: 18.08.2023).
- Meet Alice Plebuch, *A Woman Who Discovered That Her Father Was Switched At Birth*, <https://www.youtube.com/watch?v=ocvJnQfymek> (odczyt: 01.09.2023).
- Mikrobiologiczne badania historycznych dokumentów, <https://www.radiokrakow.pl>, 22.06.2019 (odczyt: 28.06.2023).
- Obąpalska-Stęplowska Aleksandra, Ogorzałek Maciej: *Pamięć zapisana w DNA: na styku biotechnologii i informatyki*, <https://wszystkoconajwazniejsze.pl>, 4.10.2022 (odczyt: 01.12.2023).
- Patrylas Artur: *UE osiągnęła bezprecedensowe w skali świata porozumienie w sprawie rozwoju AI*, <https://forsal.pl>, 9.12.2023 (odczyt: 09.12.2023).
- Projekt SILESIA, <https://siliusradicum.pl/projekt-silesia> (odczyt: 25.08.2023).
- Reinsel David, Gantz John, Rydning John: *The Digitization of the World From Edge to Core*, <https://www.seagate.com> (odczyt: 15.08.2023).

The Project Silesia, <https://www.familyreedna.com/groups/silesia-slask-schlesien/about> (odczyt: 25.08.2023).

The Shared cM Project 4.0 tool v4, <https://dnainter.com/tools/sharedcmv4> (odczyt: 25.08.2023).

AUTOR: Adrian Jarosz – inżynier fizyki technicznej, magister etnologii i antropologii kulturowej; genealog w Stowarzyszeniu Twoje Korzenie w Polsce; zainteresowania badawcze: analiza DNA, antropologia historyczna, genealogia jako szczególny przejaw demografii historycznej, historia Górnej Orawy, archiwistyka społeczna; e-mail: jarosz@tkwp.pl.

AUTHOR: Adrian Jarosz – physicist and anthropologist; genealogist at Stowarzyszenie Twoje Korzenie w Polsce (Your Roots in Poland Association); research interests: DNA analysis, historical anthropology, genealogy as a unique manifestation of historical demography, history of Upper Orava, social archiving; e-mail: jarosz@tkwp.pl.