

DOMINIKA PLUTA¹  <https://orcid.org/0000-0001-6246-9566>

EWA JANISZEWSKA¹  <https://orcid.org/0000-0003-0221-7177>

MAŁGORZATA BONAR²  <https://orcid.org/0000-0002-3043-3291>

ANETA ALAMA¹  <https://orcid.org/0000-0001-8428-1089>

TADEUSZ DOBOSZ¹  <https://orcid.org/0000-0003-0413-9109>

¹Zakład Technik Molekularnych Katedry Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego we Wrocławiu

²Wydział Nauk Biologicznych, Katedra Biologii Człowieka Uniwersytetu Wrocławskiego

*Muzealnictwo: nowoczesne technologie w służbie historii.
Część pierwsza: Kopalne DNA – historia odkryć, perspektywy
i problemy*

ABSTRACT

*Museology: modern technologies in service of history Part 1: Ancient
DNA – the history of discoveries, new perspectives, and problems*

For centuries, humankind has been fascinated by the possibilities of exploring the past. People search for answers to significant questions regarding evolution, the origin of species and pathogens, and so on. Using advanced methods, museum institutions have created an opportunity to study major specimens from the past, bringing us closer to understanding these fundamental issues. Until the 1980s, studying objects from museums' collections, concerning human, plant or animal evolutionary development, were conducted using methods based on anatomical or morphological findings. However, the results were often inaccurate and of solely theoretical value. The use of genetic methods including DNA analysis of museum objects has brought new perspectives for historians, archaeologist, anthropologists, and zoologists.

Keywords: DNA, aDNA, DNA isolation

Słowa kluczowe: DNA, aDNA, izolacja DNA

Krótką historia odkryć DNA

Pierwsze wzmianki o wyizolowaniu DNA pojawiły się w roku 1869, a zaledwie dwa lata później ukazała się na ten temat publikacja. Autorem odkrycia był Friedrich Miescher, którego pierwotnym przedmiotem badań były limfocyty. Po nieudanych eksperymentach postanowił spróbować z leukocytami, które otrzymywał z ropy z bandaży pacjentów. Przeprowadzając liczne eksperymenty, badacz opracował specjalną procedurę izolacji, prowadzącą do otrzymania dziwnej, kleistej substancji nazwanej przez niego „nukleina”. Przyczynił się w ten sposób do rozpoczęcia badań, które doprowadziły do powstania nowej gałęzi nauki. W 1989 roku za sprawą Richarda Altmana „nukleina” zmieniła nazwę na „kwas nukleinowy”. Od tego momentu przybywało odkryć z zakresu znajomości DNA (kwas deoksyrybonukleinowy) – określono mechanizmy dziedziczenia, rozwinęto termin „epigenetyka”, zidentyfikowano RNA (kwas rybonukleinowy) i wiele, wiele innych. Kolejnym przełomem był rok 1953, w którym opracowano model podwójnej helisy DNA (James Watson, Francis Crick) na podstawie analiz rentgenowskich (Rosalind Franklin), za co badacze w 1962 roku otrzymali Nagrodę Nobla. Mimo to nadal trwały liczne eksperymenty służące pogłębianiu wiedzy o materiale genetycznym. Zaczęto również coraz częściej zadawać pytanie o historię gatunków żyjących na Ziemi, w tym człowieka. Mając tak wspaniałe narzędzia analiz, trudno było nadal się opierać wyłącznie na domniemaniach teoretyków, zwłaszcza dysponując doskonale zachowanymi próbkami znajdującymi się w muzeach na całej kuli ziemskiej¹.

Postępy w badaniu kopalnego DNA

Pierwsze próby wyizolowania DNA z okazji muzealnego zapoczątkował Russell Hitchcock w 1984 roku. Naukowiec podjął się trudnego zadania otrzymania matrycy materiału genetycznego kwagi (*Equus quagga quagga*). Eksperyment zakończył się sukcesem, a otrzymany materiał posłużył przy identyfikacji filogenetycznej zwierzęcia. Raptem rok później Svante Pääbo, szwedzki biolog zajmujący się w tym czasie mumiami egipskimi, opublikował wynik sekwencjonowania próbki pobranej z mumii chłopca

¹ M.M. Gabrylewska, M. Szymański, J. Barciszewski, *DNA – cząsteczka, która zmieniła naukę. Krótka historia odkryć*, „Nauka” 2009, nr 2, s. 111–134; M. Bansal, *DNA structure: Revisiting the Watson-Crick double helix*, „Current Science” 2003, nr 85, s. 1556–1563.

egipskiego, liczącej około 2400 lat². Warto zauważyć, że powyższe dokonania zbiegły się w czasie z odkryciem przez Kary'ego Mullisa sposobu powielania materiału genetycznego w reakcji łańcuchowej polimerazy (PCR, ang. *Polymerase Chain Reaction*) w 1983 roku, za co 10 lat później naukowiec otrzymał Nagrodę Nobla. Metoda polega na namnażaniu materiału genetycznego w próbce za pomocą cykli reakcji, w których następuje wielokrotne ogrzewanie i oziębianie próbki. Dzięki temu, przy niskiej zawartości DNA w badanym materiale możemy zwielokrotnić go do całkiem sporej ilości. Technika ta oraz jej modyfikacje znalazły zastosowanie zarówno w kryminalistyce, dochodzeniu spornego ojcostwa, jak i próbkach archeologicznych, muzealnych, gdzie ilość DNA jest stosunkowo niska. Warto wspomnieć, że otworzyło to drzwi dla wielu badań, które nie mogły być analizowane dotychczasowymi metodami³. Wzrosła również chęć nieustannych poszukiwań odpowiedzi na pytania nurtujące ludzkość od wielu, wielu lat. Współcześnie wiele prac poświęconych jest śledzeniu zależności filogenetycznych oraz pochodzenia człowieka. Wykazano m.in., iż przodkowie neandertalczyków i denisowian wcześniej niż przodkowie anatomicznie współczesnych ludzi opuścili Afrykę, by zasiedlić Europę i Azję. Postęp technologiczny sprawił, że oprócz zwykle stosowanego badania DNA mitochondrialnego (mtDNA, ang. *mitochondrial DNA*), zaczyna się prowadzić także badania DNA jądrowego. Umożliwiła to popularyzacja nowego narzędzia biologii molekularnej, jakim jest sekwencjonowanie nowej generacji (NGS, ang. *Next Generation Sequencing*). Dzięki temu wiemy, w jaki najprawdopodobniej sposób doszło do selekcji niektórych cech, np. koloru oczu czy tolerancji laktozy⁴. Dociekliwy poszukiwacz znajdzie wiele prac z zakresu archeologii molekularnej poświęconych badaniom genetycznego materiału kopalnego, pochodzącego m.in. z DNA zbiorników wodnych, zwęglonej, liczącej ponad 8000 lat pszenicy czy pergaminu. Natomiast źródła naukowe dotyczące izolacji i badania aDNA z płynów konserwujących tkanki są bardzo skąpe⁵.

Degradacja, kontaminacja i inne problemy

W związku z powyższymi eksperymentami poddawano eksponaty muzealne. Jednak wraz z rosnącym zainteresowaniem, a co za tym idzie – liczbą publikacji na temat izolacji

² M. Gajewska, W. Bogdanowicz, *Kopalny DNA czyli lekcja z przeszłości*, „Kosmos” 2006, nr 1, s. 117–128; S. Pääbo, *Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA*, „Nature” 1985, nr 314, s. 664–645.

³ G. Stolovitzky, G. Cecchi, *Efficiency of DNA replication in the polymerase chain re action*, *Center for Studies in Physics and Biology*, „Proc. Natl. Acad. Sci.” 1996, nr 93, s. 12947–12952.

⁴ I. Stolarek, M. Figlerowicz, *Homo sapiens w Europie – historia zapisana w DNA*, „Nauka” 2016, nr 3, s. 7–25.

⁵ H.J.B. Birks, H.H. Birks, *How have studies of ancient DNA from sediments contributed to the reconstruction of Quaternary floras?*, „New Phytologist” 2016, nr 209, s. 499; H. Bilgic, E.E. Hakkia, A. Pandey, M.K. Khan, M.S. Akkaya, *Ancient DNA from 8400 Year-Old Çatalhöyük Wheat: Implications for the origin of neolithic agriculture*, *Plos One* 2016, nr 21, s. 1–15; T. Lech, *Ancient DNA in historical parchments – identifying a procedure for extraction and amplification of genetic material*, „Genetics and Molecular Research” 2016, nr 15, s. 1.

DNA z wymarłych gatunków – coraz więcej wyników zaczęto podawać w wątpliwość. Zatrważająco wielu rezultatów badań w żaden sposób nie weryfikowano ani nie sprawdzano. Naukowcy nie tylko nie stosowali wymaganych procedur, ale także nie dokonywali analiz w kilku odrębnych laboratoriach w celu wykluczenia nieścisłości. Mnóstwo wyników zostało później zakwestionowanych, jednak nie przeszkodziło to w dalszych próbach izolacji. Dzięki dostrzeżeniu popełnionych błędów zaczęto je z powodzeniem eliminować i dążyć do poznania wszelkich czynników mających wpływ na wyniki eksperymentów⁶. Dowiedziano, że wraz ze śmiercią organizmu ustają mechanizmy naprawcze, a co za tym idzie – ochrona przed czynnikami zewnętrznymi, degradującymi materiał genetyczny. Następuje podział jego dwuniciowej struktury na mniejsze fragmenty DNA (często < 50 par zasad), które nie mogą być namnażane i analizowane. Przyczyną niskiej wydajności reakcji lub braku produktów PCR może być również szereg wiązań krzyżowych, mających bezpośredni wpływ na aktywność zastosowanej polimerazy. Ponadto w wyniku działania czynników fizyczno-chemicznych (takich jak woda, temperatura, dostępność tlenu, promieniowanie czy kwasowość środowiska) dochodzi do modyfikacji struktur zasad purynowych i pirymidynowych. Czynnikiem mającym bezpośredni wpływ na degradację DNA są również mikroorganizmy (bakterie i grzyby), rozwijające się po pewnym czasie w martwych tkankach. Sekrecja przez te drobnoustroje różnych enzymów powoduje rozpad cennych dla badaczy kwasów nukleinowych. Domieszka DNA bakterii lub grzybów podczas izolacji może być przyczyną kontaminacji próbki – uzyskany wtedy materiał nie nadaje się do dalszych badań. Ponadto rosnące drobnoustroje często powodują destrukcję DNA przez zakwaszanie środowiska. Problem ten jest często bagatelizowany przez genetyków sądowych, przywykłych do pracy z rozkładającym się ludzkim materiałem biologicznym i stosujących zwykłe homospecyficzne startery. W tym wypadku najczęściej nie napotyka się specjalnych trudności, zwłaszcza po ilościowym określeniu zawartości ludzkiego DNA w mieszaninie. W wypadku badania próbki muzealnej pochodzenia zwierzęcego lub roślinnego, zwłaszcza o nieznannej przynależności gatunkowej, natrafia się jednak na spore kłopoty. Jak widać, badania preparatów i próba uzyskania z nich aDNA dobrej jakości jest niełatwym zadaniem. W wielu przypadkach ilość materiału genetycznego zawartego w próbce jest stosunkowo niewielka. Problem ten próbuje się rozwiązać, stosując wcześniej opisany PCR. Pojawia się jednak kolejna przeszkoda – zanieczyszczenia próbek współczesnym, egzogennym DNA, które dużo łatwiej ulega namnożeniu niż starszy materiał genetyczny⁷. Problem ten zauważył jako jeden z pierwszych Svante Pääbo, twórca wielu badań i publikacji z zakresu izolacji DNA z historycznego materiału. Należy zwrócić uwagę na fakt, iż metody, które prowadzą do wyodrębnienia materiału genetycznego, są destrukcyjne i powodują bezpowrotną utratę badanego materiału. Klasyczna izolacja DNA z kości czy zębów zakłada zmielenie próbek przy zastosowaniu ciekłego azotu. Jeżeli procedura dotyczy kości, poprzedzającym etapem jest nie tylko oczyszczenie powierzchni, ale także wycięcie odpowiedniego fragmentu do rozdrobnienia. Jeżeli analizie poddawana

⁶ H.W. Witas, *Kopalny DNA źródłem informacji w badaniach archeologicznych*, „Archeologia Polski” 2007, z. 1–2, s. 15–33.

⁷ M. Hofreiter, V. Jaenicke, D. Serre, A. Haeseler, S. Pääbo, *DNA sequences from multiple amplifications reveal artifacts induced by cytosine deamination in ancient DNA*, „Nucl. Acids Res.” 2001, nr 29, s. 4793–4799; I. Marota, C. Basile, M. Ubaldi, F.D. Rollo, *DNA decay rate in papyri and human remains from Egyptian archaeological sites*, „Am. J. Phys. Anthropol.” 2002, nr 117, s. 310–318.

jest tkanka, postępuje się podobnie, rozcierając część próbki (izolacja DNA z tkanek została opisana w drugiej części pracy). Trudno zatem uzyskać materiał do badań, zwłaszcza jeżeli pochodzi ona z cennych zbiorów muzealnych⁸.

Przykłady analizy aDNA z próbek muzealnych i nie tylko

Pomimo trudności przedstawione powyżej pierwsze rezultaty badań nad aDNA stały się niebywałą zachętą do dalszych analiz. Zwłaszcza że badanie szczątków – nie tylko ludzkich – dostarcza wielu różnych informacji, takich jak pochodzenie, choroby, pokrewieństwo, identyfikacja czy krzyżowanie gatunków. Najbardziej rozstrawione badania kośpalnego DNA to opracowanie genomu neandertalczyka autorstwa Svante Pääbo i współpracowników. Analiza była prawdziwą rewolucją, określiła, że każdy żyjący człowiek ma w sobie kilka procent neandertalskiego DNA, co potwierdziło tezę o krzyżowaniu się *Homo sapiens* i *neanderthalensis*⁹. Bardzo ciekawymi badaniami starego DNA są analizy zachowanych mumii. Dzięki najnowszym badaniom genetycznym udało się zbadać mumię faraonów z Doliny Królów w tym Hatszepsut (gdzie nie tylko zidentyfikowano królową, ale także określono przyczynę jej śmierci, którą był nowotwór). Zdarzały się również przypadki, kiedy w starych kościołach odkrywano ślady bakteryjnego DNA, m.in. prątków gruźlicy, HPV (zmumifikowane włókno Marii Aragońskiej) czy *Escherichia coli* (mumia egipskiego dziecka)¹⁰. Kolejny przykład badań, wykonanych w Polsce, dotyczy nie tyle okazu muzealnego, ile cennych relikwii kościelnych. W roku 2006 w Zakładzie Techniki Molekularnych Uniwersytetu Medycznego we Wrocławiu analizie poddano liczące 800 lat relikwie dwóch katolickich duchownych. Analizy miały na celu rozwianie wszelkich wątpliwości dotyczących pokrewieństwa obu osób, a dokładniej określenie, czy byli oni braćmi. Do tego celu wyizolowano DNA i jednoznacznie ustalono, iż nie byli oni rodzeństwem¹¹. Oczywiście, poruszając kwestię aDNA, nie można zapomnieć o szczątkach zwierząt, które są jednym z najważniejszych elementów w życiu człowieka od zarania dziejów. Wraz z końcem XX wieku materiały archeologiczne i muzealne z zakresu zoologii zaczęły trafiać do pracowni genetycznych. Analizy DNA wymarłych zwierząt przyspieszyły w znaczącym stopniu rozwój wiedzy w wielu dziedzinach nauki, m.in. filogeografii, ewolucji czy filogenetyki. Dzięki analizie genomów mamutów pozyskanych ze zbiorów szczątków udowodniono, że istniały kiedyś jego podgatunki. Wykazano również bliskie pokrewieństwo *Mammuthus primigenius* z współcześnie

⁸ M. Tokarski, D. Pluta, *Sprawozdanie z warsztatów. „Niedestrukcyjne metody izolacji DNA z materiałów muzealnych”*, „Arch. Med. Sąd. Kryminol.” 2015, nr 65(3), s. 194–195.

⁹ S. Pääbo, *Neandertalczyk. W poszukiwaniu zaginionych genomów*, przeł. A. Wawrzyńska, Warszawa 2015.

¹⁰ M. Spigelman, E. Lemma, *The use of the polymerase chain reaction (PCR) to detect Mycobacterium tuberculosis in ancient skeletons*, „Int. J. Osteoarcheol.” 1993, nr 3, s. 137–143; J. Kołodyński, S. Jankowski, *Paleomicrobiology – a New Branch of Science*, „Adv. Clin. Exp. Med.” 2006, nr 15(1), s. 121–125.

¹¹ D. Pluta, M. Tokarski, A. Karpiewska, T. Dobosz, *Piętnaście lat działalności Zakładu Techniki Molekularnych Katedry Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego we Wrocławiu*, „Arch. Med. Sąd. Kryminol.” 2017, nr 67(2), s. 142–149.

żyjącym słoniem indyjskim¹². Spośród ciekawszych okazów badano również te, które są zagrożone wyginięciem: szakala etiopskiego (*Canis simensis*), wombata (*Lasiorhinus krefftii*)¹³ czy żółwia morskiego (*Cyclernys*)¹⁴. Do licznych eksperymentów wykorzystywane są również eksponaty owadów m.in. zachowane w etanolu czy skamieniałe¹⁵. Jedna z najciekawszych prac z zakresu izolacji materiału genetycznego z okazów wymarłych, została wykonana w Polsce i dotyczyła badań obszernych fragmentów genomu tura, co może być przydatne przy ewentualnych próbach odtworzenia gatunku. Szacuje się, że zwierzę pojawiło się 1,5–2 mln lat temu. Zachowane drzeworyty i opisy przedstawiają go jako dużego, ważącego prawie tonę ssaka z rzędu parzystokopytnych. Historyczny król puszczy przetrwał najdłużej w Polsce, do czego przyczyniła się niebywale dynastia Jagiellonów, która jako jedyna otoczyła tura ochroną. Naukowcom pod kierownictwem prof. Ryszarda Słomskiego udało się otrzymać DNA z rogów i zębów zwierzęcia. Wyniki analiz spowodowały wzrost zainteresowania zagadnieniami dotyczącymi ochrony gatunków zagrożonych wyginięciem. Odrzucono również błędne przekonanie, że tur najszybciej wyginął w Polsce. A co najważniejsze – pokazano, że takie badania są jak najbardziej możliwe. W przyszłości planowane są prace nad odtworzeniem zwierzęcia, co byłoby niemożliwe bez uzyskania DNA z materiału zachowanego w muzeum¹⁶. Byłoby to cenne środowiskowo, ponieważ żaden inny gatunek nie zajął biotopu tego zwierzęcia (granica lasu naturalnego i łągów nadrzecznych). Przywołano jedynie nieliczne badania z zakresu kopalnego DNA. Z racji olbrzymiego postępu technologicznego nie sposób wymienić wszystkich wartościowych prac.

Podsumowanie

Powyższe przykłady jednoznacznie pokazują, że zbadanie cennych, archiwalnych i zachowanych nie tylko w muzeach (przyrodniczych, medycznych itp.) eksponatów czy próbek może znacząco wpłynąć na odkrywanie przeszłości. Historia gatunków, zjawisk dotyczących wędrówki ludów, pokrewieństwo osób, choroby, dzieje władców wraz z sekretami ich genealogii i wiele innych tajemnic mogą zostać odkryte dzięki rozwojowi archeologii molekularnej. Największym problemem w dalszym ciągu pozostaje jednak degradacja, kontaminacja i destrukcyjne metody badań. Współcześni naukowcy mają zatem niebywale pole do popisu i duże szanse na sukces.

¹² M. Dylewska, P. Listos, E. Dudzińska, M. Gryzińska, *Wykorzystanie badań DNA w archeologii*, „Życie Weterynaryjne” 2016, nr 12, s. 904–908.

¹³ M.S. Roy, D.J. Girman, A.C. Taylor, R.K. Wayne, *The use of museum specimens to reconstruct the genetic variability and relationships of extinct populations*, „Experientia” 1994, nr 50, s. 551–557.

¹⁴ B.L. Stuart, U. Fritz, *Historical DNA from museum type specimens clarifies diversity of Asian leaf turtles (Cyclernys)*, „Biological Journal of the Linnean Society” 2008, nr 94, 131–141.

¹⁵ R.J. Cano, H.N. Poinar, *Rapid isolation of DNA from fossil and museum specimens suitable for PCR*, „BioTechniques” 1993, nr 15, s. 432–436; M. Mandrioli, F. Borsatti, L. Mola, *Factors affecting DNA preservation from museum-collected lepidopteran specimens*, „Entomologia Experimentalis et Applicata” 2016, nr 120(3), s. 239–244.

¹⁶ R. Słomski *et al.*, *Analiza DNA tura (Bos primigenius)*, „Nauka” 2008, nr 4, s. 65–75.

Bibliografia

- Bansal M., *DNA structure: Revisiting the Watson-Crick double helix*, „Current Science” 2003, nr 85.
- Bilgic H., Hakkia E.E., Pandey A., Khan M.K., Akkaya M.S., *Ancient DNA from 8400 Year-Old Catalhöyük Wheat: Implications for the origin of neolithic agriculture*, „Plos One” 2016, nr 21.
- Birks H.J.B., Birks H.H., *How have studies of ancient DNA from sediments contributed to the reconstruction of Quaternary floras?*, „New Phytologist” 2016, nr 209.
- Cano R.J., Poinar H.N., *Rapid isolation of DNA from fossil and museum specimens suitable for PCR*, „BioTechniques” 1993, nr 15.
- Dylewska M., Listos P., Dudzińska E., Gryzińska M., *Wykorzystanie badań DNA w archeozoologii*, „Życie Weterynaryjne” 2016, nr 12.
- Gabrylewska M.M., Szymański M., Barciszewski J., *DNA – cząsteczka, która zmieniła naukę. Krótka historia odkryć*, „Nauka” 2009, nr 2.
- Gajewska M., Bogdanowicz W., *Kopalny DNA czyli lekcja z przeszłości*, „Kosmos” 2006, nr 1.
- Hofreiter M., Jaenicke V., Serre D., Haeseler A., Pääbo S., *DNA sequences from multiple amplifications reveal artifacts induced by cytosine deamination in ancient DNA*, „Nucl. Acids Res.” 2001, nr 29.
- Kołodzyński J., Jankowski S., *Paleomicrobiology – a new branch of science*, „Adv. Clin. Exp. Med.” 2006, nr 15(1).
- Lech T., *Ancient DNA in historical parchments – identifying a procedure for extraction and amplification of genetic material*, „Genetics and Molecular Research” 2016, nr 15.
- Mandrioli M., Borsatti F., Mola L., *Factors affecting DNA preservation from museum-collected lepidopteran specimens*, „Entomologia Experimentalis et Applicata” 2016, nr 120(3).
- Marota I., Basile C., Ubaldi M., Rollo F.D., *DNA decay rate in papyri and human remains from Egyptian archaeological sites*, „Am. J. Phys. Anthropol.” 2002, nr 117.
- Pääbo S., *Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA*, „Nature” 1985, nr 314.
- Pääbo S., *Neandertalcyk. W poszukiwaniu zaginionych genomów*, przeł. A. Wawrzyńska, Warszawa 2015.
- Pluta D., Tokarski M., Karpierwska A., Dobosz T., *Piętnaście lat działalności Zakładu Technik Molekularnych Katedry Medycyny Sądowej Uniwersytetu Medycznego we Wrocławiu*, „Arch. Med. Sąd. Kryminol.” 2017, nr 67(2).
- Roy M.S., Girman D.J., Taylor A.C., Wayne R.K., *The use of museum specimens to reconstruct the genetic variability and relationships of extinct populations*, „Experientia” 1994, nr 50.
- Słomski R. et al., *Analiza DNA tura (Bos primigenius)*, „Nauka” 2008, nr 4.
- Spigelman M., Lemma E., *The use of the polymerase chain reaction (PCR) to detect Mycobacterium tuberculosis in ancient skeletons*, „Int. J. Osteoarcheol” 1993, nr 3.
- Stolarek I., Figlerowicz M., *Homo sapiens w Europie – historia zapisana w DNA*, „Nauka” 2016, nr 3.
- Stolovitzky G., Cecchi G., *Efficiency of DNA replication in the polymerase chain reaction*, *Center for Studies in Physics and Biology*, „Proc. Natl. Acad. Sci.” 1996, nr 93.
- Stuart B.L., Fritz U., *Historical DNA from museum type specimens clarifies diversity of Asian leaf turtles (Cycllemys)*, „Biological Journal of the Linnean Society” 2008, nr 94.
- Tokarski M., Pluta D., *Sprawozdanie z warsztatów: „Niedestrukcyjne metody izolacji DNA z materiałów muzealnych”*, „Arch. Med. Sąd. Kryminol.” 2015, nr 65(3).
- Witas H.W., *Kopalny DNA źródłem informacji w badaniach archeologicznych*, „Archeologia Polski” 2007, z. 1–2.