

# Suomalaisten itäiset äitilinjat

Jaakko Häkkinen, 5.9.2011 (päivitetty 9.9.2011)

## Mikä on äitilinja?

Äitilinja on mitokondrion DNA:han perustuva luokitus. Lapset perivät mitokondriaalisen DNA:n (mtDNA) aina äidiltään, mutta vain tytöt siirtävät sen omille lapsilleen. MtDNA:n avulla saadaan siis selville äidinäidinäidinäidin... jne. äiti. Fylogeneettisen puukuvaajan eli mtDNA-haploryhmien (joukko yksilöitä joita luonnehtivat samat mutaatiot) sukupuun avulla voidaan seurata äitilinjaa mutaationsukupolvittain taaksepäin aina afrikkalaiseen mitokondrio-Eevaan saakka, joka eli noin 200 000 vuotta sitten. Mutaationsukupolvi vastaa yleensä useita tavallisia sukupolvia, koska joka sukupolvessa ei tapahdu mutaatioita. Joka tapauksessa mtDNA:n perusteella saadaan selville kaikki ne eri esiäidit, joissa on tapahtunut mutaatio.

MtDNA-haploryyppi ilmoitetaan aina suhteessa Cambridgessa olevaan mitokondriaaliseen verrokkisekvenssiin eli haploryyppiin (= yksilön DNA lukujonona ilmaistuna), joka on ensimmäinen kokonaan selvitetty mtDNA. Tämä yksilö kuuluu haploryhmään H2a2a. Esimerkiksi eräät suomalaiset eroavat tästä vertailusekvenssistä vain HVR1-alueen yhden kohdan mutaation verran, jolloin haploryyppi ilmaistaan tällä yhdellä luvulla: 16070G. Tämä tarkoittaa, että kohdassa 16070 on nukleotidi muuttunut G:ksi (guaniini). MtDNA:n fylogeneettisen puun perusteella nähdään, että tämä mutaatio luonnehtii haploryhmää H36: <http://www.phylotree.org/tree/main.htm>

Sen sijaan esimerkiksi U-haploryhmään kuuluvien haploryypissä on jo HVR1-alueella (suuret linjat; joskus nimellä HVS1) muutamia mutaatioita, ja lisää HVR2-alueella (tarkempi erottelu; joskus nimellä HVS2). Geenitutkimuksissa mtDNA-haploryypit saatetaan ilmaista esimerkiksi näin (Malyarchuk et al. 2008):

HVS1 (-16000)	HVS2	HG	ID	Population
134 221 234 356 519	73 152 195 263 315iC	U4a1c	CzV160	Czech

Kyseessä on siis tšekkiläinen näytteenantaja, joka kuuluu haploryhmään (HG = *haplogroup*) U4a1c ja joka eroaa Cambridgen verrokkisekvenssistä (CRS = *Cambridge Reference Sequence*) viiden HVR1-mutaation ja viiden HVR2-mutaation osalta. Koska kaikkien HVR1-locusten (geenin sijainti) numero on 16-alkuinen, tämä alku jätetään usein pois. Niinpä 16134 merkitään vain 134, kunhan sarake on selvästi ilmoitettu HVR1:ksi. Haploryyppien sukulaisuuden hahmottamista helpottaa, mikäli jokaiselle mutaatiolle annetaan oma sarakkeensa esim. Excel-taulukossa: näin eri haploryyppien samat mutaatiot ovat aina kohdakkain.

Jokainen haploryhmän nimeä pidentävä kirjain ja numero vastaa vähintään yhtä mutaatiota; niinpä haploryhmä U4a1c on kehittynyt haploryhmä U:sta omaan suuntaansa ainakin neljän merkittävän mutaation verran. Numerot ja pienet kirjaimet juoksevat yleensä löytämisjärjestyksessä, eli ensin löydetään U1, sitten U2; näiden alahaploryhmistä ensin U1a ja U2a, sitten U1b ja U2b jne.

## Suomalaisten äitilinjat

Suomalaisten äitilinjat yleisyysjärjestyksessä (Lappalainen et al. 2008):

H = 39,1 % josta:

- H\* = 13,9 %
- H1f = 10,1 %
- H5 = 5,1 %
- H1 = 2,5 %
- H2 = 2,5 %
- H2a1 = 2,5 %
- H3 = 2,5 %

U = 27,9 % josta:

- U5b = 8,9 %
- U = 6,3 %
- U5b1b = 5,1 %
- U5a = 3,8 %
- U4 = 2,5 %
- U5a1 = 1,3 %

W = 10,1 %

V = 5,1 %

J = 5,1 % josta:

- J = 2,5 %
- J1a = 1,3 %
- J1b1 = 1,3 %

I = 3,8 % josta:

- I1 = 2,5 %
- I = 1,3 %

T = 2,5 %

K = 2,5 %

Z = 2,5 %

X = 1,3 %

Yleisimmät haploryhmät H ja U esiintyvät Euroopassa (ja sen ulkopuolellakin) laajalevikkisinä ja korkein frekvenssein, ja suomalaiset muistuttavatkin niiden osalta muita eurooppalaisia. Siksi keskityn seuraavaksi itäisiin äitilinjoinimme; myös U4 lukeutuu tähän ryhmään. D5:tä ei tutkimuksissa suomalaisilta löydetty, mutta FamilyTreeDNA:n testeissä niitäkin löytyi.

## Suomalaisten itäiset äitilinjat

Suomalaisten yleisin isälinja N1c on jo kauan tiedetty alkuperältään itäiseksi (sen syntyalue lienee jossakin Etelä-Siperiassa, kenties Hakassiassa), mutta äitilinjoja on luonnehdittu pääosin läntisiksi eli yleiseurooppalaisiksi. Tämän pääosan ulkopuolelle jää kuitenkin joukko äitilinjoja, joiden alkuperä on itäinen; näiden osuus suomalaisten äitilinjoista on noin 16 % eli melko tarkasti yksi kuudesosa. Tässä käsiteltäviä itäisiä äitilinjoja ovat W, Z, D5 ja U4.

Itäisyys on tietysti suhteellista, ja tässä sitä tarkastellaan Suomen näkökulmasta. Esimerkiksi kiinalaisilla ei ole tiettävästi lainkaan äitilinjoja U4 eikä W, ja äitilinjoja D5 ja Z löytyy vain muutamana prosentina verran. Suomalaisilta puolestaan puuttuvat kiinalaisilla yleiset äitilinjat M7, D4, A,

B4 ja F1 (Yao et al. 2008), joten niiden listaaminen olisi hyödytöntä. Suomalaisten itäisimmät äitilinjat eivät siis viittaa Kaukoitään vaan lännemmäksi: Uralin alueelle ja siitä etelään, läntiseen Keski-Aasiaan ja Etelä-Aasiaan. Näiden äitilinjojen suurin yhteenlaskettu tiheytymä on kalasheilla (34 %), jotka asuvat Pohjois-Pakistanissa, ja suurimmalla osalla Volgan–Uralin alueen väestöstä on näiden äitilinjojen yhteispitoisuus yli 20 %. Lännempänä suurin yhteispitoisuus on suomalaisilla ja Suomen saamelaisilla, 16 % molemmilla.

Esitän ensin haploryhmien frekvenssitaulukon ja siihen perustuvat frekvenssikartat.

Population	W %	Z %	D5 %	U4 %	Total eastern %	Source
<b>Fenno-Scandia</b>						
SaamiSSw	2	11	0	0	13	Ing-07/Hel-01
SaamiNSw	2	1	0	0	3	Ing-07/Hel-01
SaamiNo	1	0	3	0	4	Ing-07/Hel-01
SaamiFi	0	7	9	0	16	Ing-07/Hel-01
Finn	10	3	0	3	16	Lap-08
KareliaN	0	1	12	1	14	Lap-08
KareliaS	1	0	3	3	7	Lap-08
<b>Balto-Russia</b>						
KareliaTv	3	0	3	8	14	Lap-08
Ingrian	5	3	0	0	8	Lap-08
Vepsian	2	0	0	0	2	Lap-08
Estonian	3	0	0	4	7	Lap-08
Seto	0	0	0	7	7	Lap-08
Latvian	4	0	0	9	13	Lap-08
Lithuanian	3	0	0	3	6	Lap-08
Belorussian	1	0	0?	0	1	Bel-03/Tam-04
RussiaOs	1	1	?	5	7	Bel-03
RussiaBa	0	0	?	1	1	Bel-03
RussiaKa	0	?	0	9	9	Mal-04
RussiaYa	0	?	2	5	7	Mal-04
RussiaPs	3	?	0	3	6	Mal-04
<b>Northwestern Europe</b>						
Swedish	1	0	0	3	4	Lap-08
Norwegian	2	1	0	3	6	Pli-06
Scottish	1	0	0	2	3	Hel-01
Irish	2	0	0	2	4	Hel-01
Orkneyan	2	0	0	1	3	Hel-01
Icelandic	0	0	0	2	2	Hel-01
<b>Middle Europe</b>						
PolishPo	2	0	0	8	10	Grz-07
PolishSi	6	0	0	6	12	Grz-07
PolishKa	5	0	0	1	6	Grz-07
German	3	0	1	2	6	Pli-06
French	2	0	0	1	3	Pli-06
Hungarian	7	0	0	4	11	Töm-07/Tam-04
HungarianAn	0	?	?	8	8	Töm-07
HungarianCC	0	?	?	18	18	Töm-07
<b>Volga-Ural</b>						
Mordvin	0	0	1	2	3	Ber-02
Mari	0	3	2	10	15	Ber-02
Udmurt	0	5	12	4	21	Ber-02
KomiP	0	0	5	10	15	Ber-02
KomiZ	2	2	0	24	28	Ber-02
Bashkir	1	1	9	13	24	Ber-02
Chuvash	0	0	4	16	20	Ber-02

TatarAz	7	3	10	6	26	Mal-10
TatarBu	6	0	5	9	20	Mal-10
<b>Caucasus–Anatolia</b>						
Turkish	0	0	2	2	4	Qui-04
Georgian	5	0	0	3	8	Qui-04
<b>Northern Siberia</b>						
Mansi	0	0	8	16	24	Der-02
Khanty	?	0	0	9	9	Tam-04/Pim-08
Nganasan	0	4	0	8	12	Sta-05/Mal-08
Ket	3	3	0	21	27	Sta-05/Mal-08
Evenk	0	0	1	?	1	Sta-05
YukaghirLK	?	2	2	0	4	Vol-08
YukaghirUK	?	6	16	0	22	Vol-08
Itelmen	0	6	0	?	6	Sta-05
<b>Southern Siberia – Western Central Asia</b>						
KazakhAl	0	0	2	1	3	Gok-08
Mongol	0	5	5	4	14	Gok-08
Kazakh	4	2	2	2	10	Gok-08
Uyghur	0	0	0	6	6	Gok-08
Kirghis	0	1	0	0	1	Gok-08
Tuvan	2	2	1	?	5	Sta-05
Tubalar	0	1	4	?	5	Sta-05
Tofalar	0	11	0	?	11	Sta-05
Buryat	0	4	0	?	4	Sta-05
<b>Central–Southern Asia</b>						
Kalash	0	0	0	34	34	Qui-04
Parsi	0	0	0	14	14	Qui-04
Hazara	0	13	0	9	22	Qui-04
Sindhi	17	0	0	0	17	Qui-04
Kurdi	10	0	0	0	10	Qui-04
Pakistan	1	1	0	0	2	Qui-04
Turkmen	0	0	22	2	24	Qui-04
Uzbek	2	0	10	5	17	Qui-04
<b>Population</b>	<b>W %</b>	<b>Z %</b>	<b>D5 %</b>	<b>U4 %</b>	<b>Total eastern %</b>	<b>Source</b>

Näiden äitilinjoiden pitoisuuksissa on suuria eroja niin saamelaiden ja itämerensuomalaiden kansojen välillä kuin niiden kesken. Saamelaisia yhdistää vain haploryhmän U4 puuttuminen. Suomen saamelaisilla (SaamiFi) on runsaasti haploryhmää D5, samoin kuin pohjoisilla eli Vienan karjalaisilla (KareliaN). Eteläisen Ruotsin saamelaisilla (SaamiSSw) on runsaasti haploryhmää Z, samoin kuin Suomen saamelaisilla, mutta suomalaisilla sitä on jo selvästi vähemmän. Suomalaisilla on runsaasti haploryhmää W, eikä lähialueilta tavata yhtä suuria pitoisuuksia.

Suomalaisia ja virolaisia (Estonian) yhdistää vain haploryhmän D5 puuttuminen ja muutaman prosentoinen frekvenssi haploryhmällä U4. Etelävirolaiset setukaiset (Seto) eroavat samoin pohjoisvirolaisista selvästi. Vepsäläisillä (Vepsian) on itämerensuomalaisista kansoista vähiten näitä itäisiä äitilinjooja, vain 2 % W:tä. Setukaiset ja Tverin karjalaiset (KareliaTv) muistuttavat latvialaisia haploryhmän U4 suuren frekvenssin osalta.

On mielenkiintoista, että itäisiä äitilinjooja on paljon enemmän Suomen ja eteläisen Ruotsin saamelaisilla kuin Norjan ja pohjoisen Ruotsin saamelaisilla; ilmeisesti pohjoisimpaan Skandinaviaan saamen kieli levisi joko myöhemmin tai muuten ilman näitä itäisiä äitilinjooja. Olen äskettäin esittänyt, että eteläsaame olisi voinut levitä Ruotsiin suoraan Pohjanlahden yli, kiertämättä Suomen Lapin kautta (Häkkinen 2010), ja tämä geenijakauma sopisi hyvin siihen kuvaan. Myöhemmällä

geneettisellä ajautumisella tosin täytyisi selittää se, että Suomen saamelaisilla ei ole haploryhmää W eikä eteläisen Ruotsin saamelaisilla haploryhmää D5.

Luoteiseurooppalaiset (Northwestern Europe) eli skandinaavit ja Britteinsaarten asukkaat muistuttavat suuresti toisiaan, vain haploryhmiä W ja U4 esiintyy pieninä pitoisuuksina. ”Välieu-rooppalaiset” (Middle Europe) ovat pohjoisten ja eteläisten eurooppalaisten välissä, ja tämäkin ryhmä on melko homogeeninen: lähinnä esiintyy haploryhmiä W ja U4, mutta hieman suurempina pitoisuuksina kuin luoteiseurooppalaisilla.

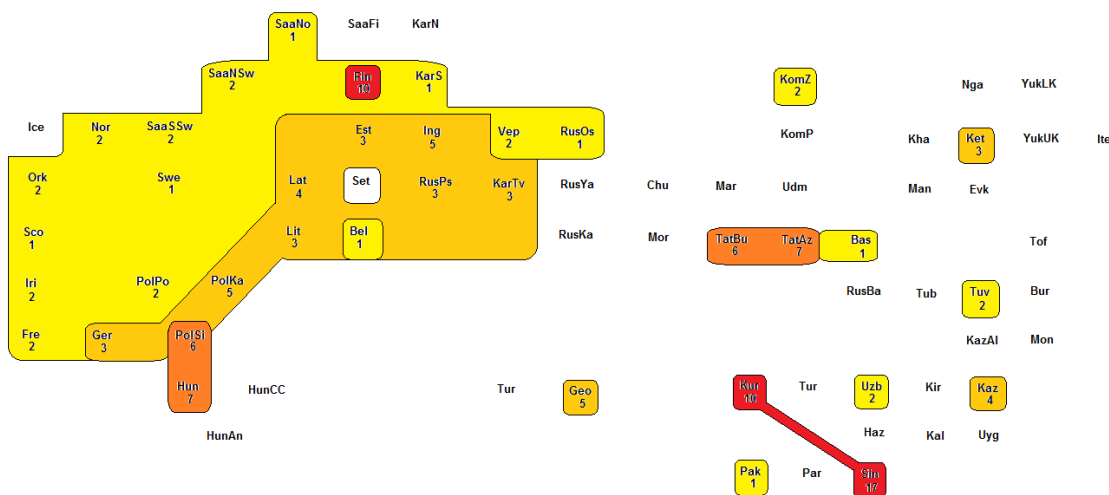
Muinaisunkarilaiset (HungarianAn) ja heistä erityisesti yläluokka eli ”klassiset valloittajat” (HungarianCC = *classic conquerors*) muistuttavat selvästi lähimpiä kielisukulaisiaan manseja: molemmilla on runsaasti haploryhmää U4 (18 % vs. 16 %). Manseilla on runsaasti myös haploryhmää D5, mutta sitä ei ole ilmeisesti löytynyt muinaisunkarilaisilta. Nykyunkarilaiset sen sijaan muistuttavat läheisesti eteläisiä eli Silesian puolalaisia (PolishSi), eli muinaisunkarilaiset valloittajat onnistuivat levittämään kielensä Karpaattien altaan alkuperäisen väestön käyttöön vaikka geneettisesti sulautuivatkin näihin johtuen pienestä lukumäärästään.

Volgan–Uralin alueella on erittäin runsaasti itäisiä äitilinjvoja, ainoana poikkeuksena mordvalaiset, joilla vepsäläisten ohella on kaikista tutkituista uralilaisista kansoista vähiten käsiteltyjä haploryhmiä (yhteensä 3 %). Yhtä vähän niitä tosin on myös pohjoisen Ruotsin saamelaisilla (3 %) ja Norjan saamelaisilla (4 %). Volganturkkilaiset (tšuvassit, baškiirit ja tataarit) eivät eroa juurikaan alueen uralilaisista kansoista näiden äitilinjojen osalta, tosin haploryhmä W näyttää painottuvan turkkilaisille kansoille. Haploryhmät Z ja D5 painottuvat itäisempiin väestöihin, riippumatta kieli-kunnasta.

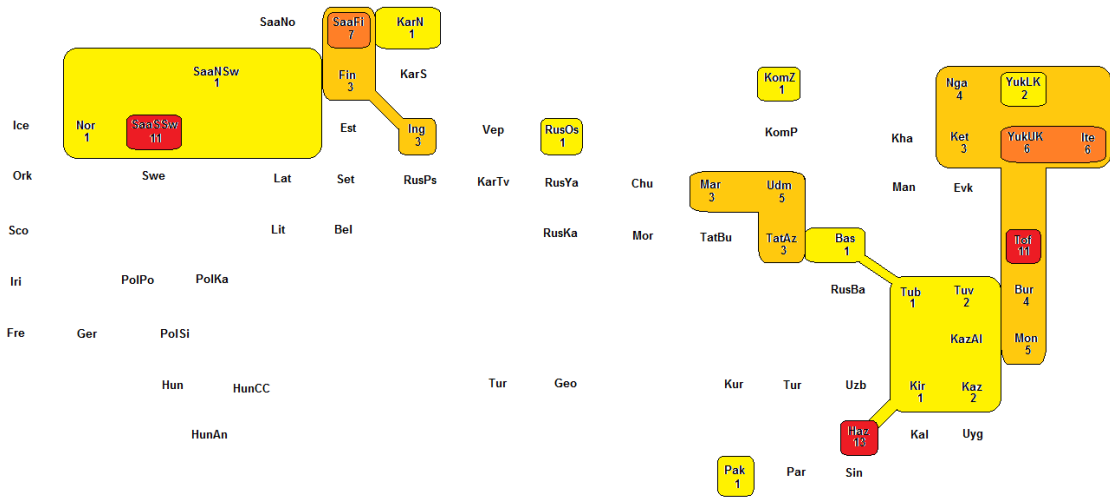
Pohjoinen Siperia (Northern Siberia) jakautuu kahtia siltä osin, että Länsi-Siperiassa on runsaasti haploryhmää U4, Keski- ja Itä-Siperiassa ei. Itäisimmässä Siperiassa myös haploryhmällä Z on alueen suurimmat frekvenssit. Eteläisen Siperian ja läntisen Keski-Aasian alue (Southern Siberia and Western Central Asia) on melko yhtenäinen, ja haploryhmä W on täällä niukkimmin edustettuna.

Keski–Etelä-Aasiassa (Central–Southern Asia) on kaikkien näiden neljän itäisen haploryhmän suurimmat frekvenssit: W sindheillä (17 %), Z hazaroilla (13 %), D5 turkmeeneilla (22 %) ja U4 kalasheilla (34 %). Täällä saattaa siis olla myös niiden alkuperäinen syntyalue ja leviämiskeskus, vaikkakaan ne eivät näytä levinneen yhtäaikaisesti eivätkä samoja reittejä.

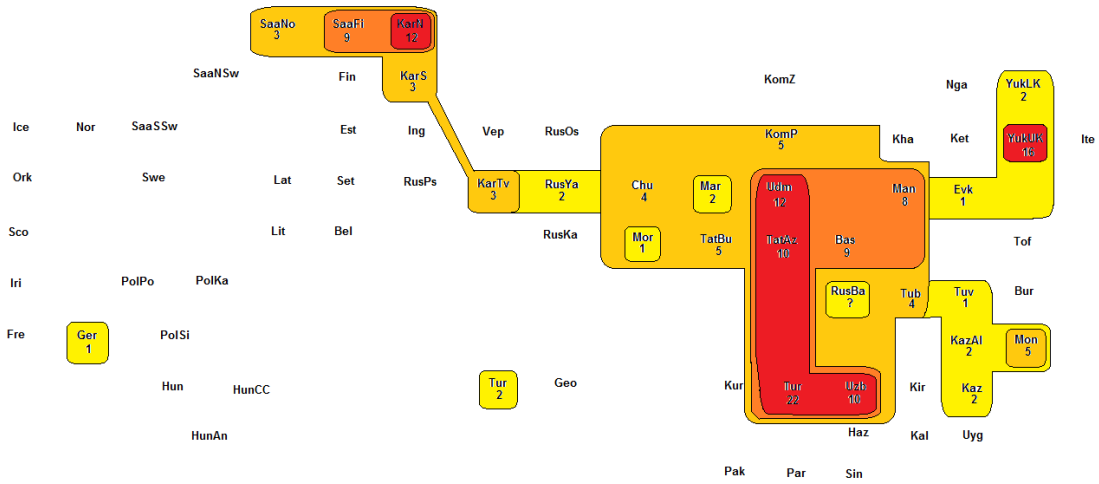
MtDNA haplogroup W



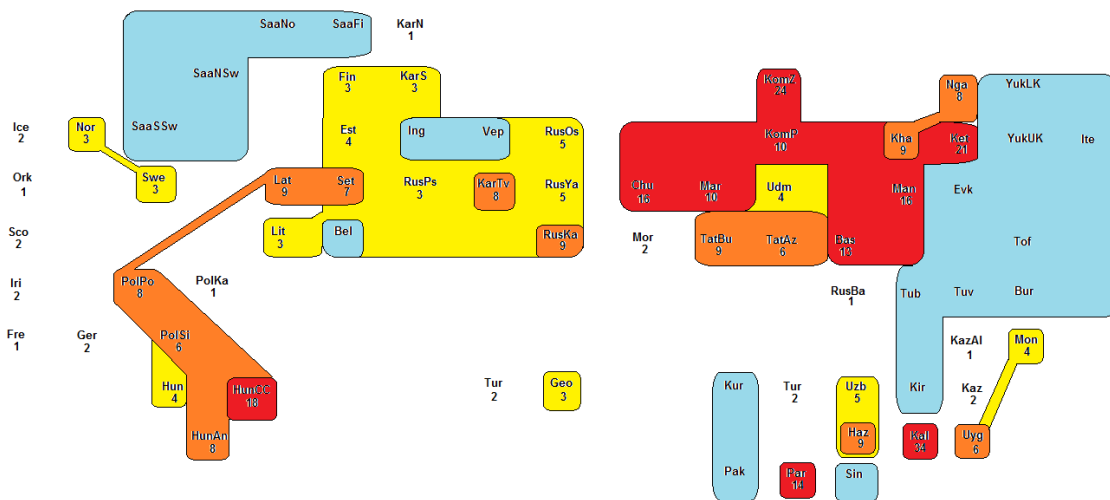
**MtDNA haplogroup Z**



**MtDNA haplogroup D5**



**MtDNA haplogroup U4**



## Eröt Suomen sisällä

Suomalaisten äitilinjojen alueellisia eroja ei ole selvitetty kovinkaan laajasti. Tutkimuksessa Hedman et al. 2007 käsiteltiin vain yleisiä äitilinjoja, joten Z ja D5 jäivät puuttumaan, vaikka osaväestöjä eri puolilta maata olikin riittävästi. Tutkimuksessa Lappalainen et al. 2008 (aineisto tutkimuksesta Finnilä et al. 2001) puolestaan oli tarkempi haploryhmäjako, mutta osaväestöjä ei eritelty.

Population	W %	Z %	D5 %	U4 %	Lähde
Varsinais-S	3	---	---	0	Hed-07
Satakunta	3	---	---	0	Hed-07
Häme	0	---	---	0	Hed-07
Pohjanmaa	7	---	---	0	Hed-07
Savo	3	---	---	0	Hed-07
Karjala	0	---	---	13	Hed-07
Keskinen Suomi <sup>1</sup>	10	3	0	3	Lap-08 = Fin-01

<sup>1</sup> = Pohjois-Pohjanmaa, Keski-Pohjanmaa, Kainuu ja Pohjois-Savo

Äitilinja W näyttää olevan yleisin keskisessä Suomessa (ei Keski-Suomessa vaan Suomen keski-osassa pohjois-etelä-akselilla) eli Pohjanmaalla ja Kainuussa, hieman vähemmän sitä on Savossa ja Lounais-Suomessa (Varsinais-Suomi ja Satakunta) ja kokonaan se puuttuu eteläisestä sisämaasta (Häme, Karjala). Se lieneekin levinnyt Suomeen länsirannikon kautta, mahdollisesti Puolan suunnalta (jossa myös on kohtalaisen korkeita frekvenssejä) tai Baltian kautta.

Äitilinja U4 puolestaan esiintyy runsaimpana Suomen Karjalassa, ja jonkin verran sitä on myös keskisen Suomen osaväestöillä, jotka kaikki kuuluvat genomilaajuisesti itäsuomalaisiin (ks. <http://www.mv.helsinki.fi/home/jphakkin/Suomalaisv%C3%A4est%C3%B6t.pdf>). Tämän linjan alkuperä on siis kaakon suunnalla. Kahdesta muusta äitilinjasta ei valitettavasti voi sanoa toistaiseksi paljon mitään aineiston puuttumisen vuoksi. Koska niitä kuitenkin on runsaasti saamelaisilla, voidaan olettaa niitä löytyvän lähinnä pohjoisilta suomalaisilta, D5:tä tosin voi olla myös itäsuomalaisilla, koska sitä on karjalaisilla.

## Haplotyyppitaso

Lopuksi tarkastelen näitä suomalaisten itäisiä äitilinjoja haplotyyppitasolla, poimien haplotyyppit osoitteesta [http://www.familytreedna.com/ftGroups\\_mtdna\\_frame.aspx?Group=Finland](http://www.familytreedna.com/ftGroups_mtdna_frame.aspx?Group=Finland) Suomi-DNA-projektin taulukoista (kun ei erikseen viitattu) ja geenitutkimuksista (erikseen viitattu).

## Haploryhmä W

52:lta suomalaiselta on tähän mennessä löydetty haploryhmä W, eli se on yleisempi kuin muut itäiset äitilinjat yhteensä. On mielenkiintoista, että yleisimmät alahaploryhmät W1a ja W1b näyttävät keskittyvän Suomeen ja rajoittuvan sen lähialueille. Ne ovat molemmat syntyneet W1:stä, jota ei ole voitu toistaiseksi Suomesta todentaa. Neljä haplotyyppiä saattaa ennustajan mukaan kuulua haploryhmään W3 (<http://www.thecid.com/w/hvr.htm>), kaksi kuuluu haploryhmään W6 ja yksi sekä haploryhmään W4 että haploryhmään W1e. Loput 22 näytettä ovat joko liian suppeasti testattuja (pelkkä HVR1) tai muuten vaikeasti luokiteltavia.

HVR1 (-16000)	HVR2	HG	ID	Population
223 292 519	73 189 195 204 207 263 <b>309.1</b> 315.1	W1a	178754	Suomi x 16
223 292 519	73 189 195 204 207 <b>227</b> 263 <b>309.1</b> 315.1	W1b	133479	Suomi x 5
223 292 <b>295</b> 519	73 189 195 204 207 263 315.1	W1e	N66746	Suomi x 1
223 <b>234</b> 292 519	73 189 <b>194</b> 195 204 207 263 <b>309.1</b> 315.1 <b>522- 523-</b>	W3?	N54958	Suomi x4

Haploryhmä W1 on syntynyt noin 13 000 vuotta sitten Keski-Aasiassa, ja se on saattanut levitä Suomeen Baltian tai Venäjän kautta. Täällä se on kehittänyt kaksi nuorempaa alahaploryhmää, W1a (noin 2 000 vuotta) ja W1b (hieman vanhempi; <http://www.thecid.com/w/w1.htm>). W3 on samoin syntynyt Keski-Aasiassa ja levinnyt Suomeen ilmeisesti samaa tietä kuin W1.

W3:n levinneisyys Suomessa on itäinen, W1a:n levinneisyys keskittyy Pohjanmaalle ja Kainuuseen ja W1b:n kohdalla paikkatietoja on vain kahdesta näytteestä.

### ***Haploryhmä Z***

Suomesta on toistaiseksi löytynyt 10 haploryhmään Z kuuluvaa henkilöä. Näistä kahdeksan on testannut myös HVR2:n, ja heillä kaikilla on aivan sama haplotyyppi, lukuun ottamatta yhtä jolta puuttuu 309.1 ja yhtä jolla lisäksi on 309.2. Suomalaisista haplotyypeistä yksi on ilman paikkatietoja, Etelä-Savosta on 4, Kainuusta 2, Pohjois-Karjalasta 1, luovutetusta Karjalasta 1 ja Ruotsista 1. Haploryhmä Z1a on siis painotukseltaan selvästi savo-karjalainen.

HVR1 (-16000)	HVR2	HG	ID	Population
129 185 223 224 260 298 519	73 151 152 249- 263 309.1 315.1 489	Z1a	110561	Suomi x 10

Valitettavasti tarkempi haploryhmä ei selviä HVR1:n ja HVR2:n perusteella. Lähes samanlainen haplotyyppi on löytynyt Venäjältä (HVR2:ssa lisäksi 146) ja Ruotsista (HVR2:sta puuttuu 309.1 kuten yhdeltä suomalaiselta). Volgan alueella on myös yhden mutaation eroavia haplotyyppisiä (HVR1:stä puuttuu 519; Bermisheva et al. 2002). Etelä-Siperiassa on jo selvästi erilaisia haplotyyppisiä, joista puuttuvat Z1:stä Z1a:han johtavat mutaatiot (HVR1:ssä 16129 ja 16224; Derenko et al. 2003).

Haploryhmän Z1a ikä (saamelaisten, suomalaisten ja Volgan kansojen perusteella) on arvioitu vain 2 700 vuodeksi, kun sen kantaäiti Z1 syntyi itäisessä Aasiassa jo 13 000 vuotta (Ingman & Gyllensten 2007). Itse Z1a näyttää syntyneen jossakin Uralin lähistöllä.

### ***Haploryhmä D5***

Suomesta löytyy kuusi haploryhmään D kuuluvaa lähes identtistä haplotyyppiä, sillä tarkennuksella että yhdeltä on testattu vain HVR1 ja toisella on yksi sellainen yksilöllinen mutaatio HVR2:ssa jota muilla ei ole (**lihavoitu**).



HVR1 (-16000)	HVR2	HG	ID	Population
126 136 182 183 189 223 360 362	73 <b>146</b> 150 263 309.1 309.2 315.1 489	D5a3a	N14587	Suomi x 6

Alussa linkitetyn mitokondriaalisen sukupuun perusteella nämä haplotyyppit kuuluvat haploryhmään D5a3a. On arvioitu, että sen anestraalinen eli esimuoto D5a3 syntyi mahdollisesti jossain Itä-Aasiassa (sitä on Koreassa) noin 16 000 vuotta sitten, ja D5a3a syntyi sen pohjalta vasta noin 3 000 vuotta sitten joko Länsi-Siperiassa tai aivan itäisimmässä Euroopassa, eli Ural-vuoriston tuntumassa (Derenko et al. 2010).

Suomalaisten D5-äitilinjojen alkuperä on siis jossakin Ural-vuoriston ympäristössä ehkä jopa niinkin myöhäisessä aikatasossa kuin 3 000 vuotta sitten. Alueellisesti heistä sijoittuu kaksi Länsi-Suomeen (Laitila, Pälkäne), yksi Lappiin (Tornionlaakso), yksi Inkeriin ja yksi luovutettuun Karjalaan. Vanhinta aluetta voisi siten olla Länsi-Suomi: sieltä on levinnyt asutusta jo rautakaudella myös Karjalaan ja Lappiin.

### ***Haploryhmä U4***

Suomalaisten U4-haplotyyppien yleisimmät kolme alahaploryhmää ovat seuraavat:

HVR1 (-16000)	HVR2	HG	ID	Population
344 356 <b>362</b> 519	73 195 263 310 499 523.1 523.2 523.3 523.4	U4a2a	194222	Suomi x 7
(344) 356 519	73 195 263 310 499 523.1 523.2 (523.3 523.4)	U4a2*	192568	Suomi x 3
356 519	73 195 263 309.1 <b>315.1</b> 499 523.1 523.2	U4d1	162267	Suomi x 3

Loput yhdeksän näytettä ovat yksittäisiä ja vaikeammin luokiteltavia, kun osa alahaploryhmistä voidaan tarkistaa vasta kokonaisen *control regionin* tietojen avulla. U4a2:n ikä on noin 7 300 vuotta, U4a2a:n noin 7 000 vuotta ja koko U4:n (jossa vasta U4a ja U4d kohtaavat) peräti noin 20 000 vuotta (Malyarchuk et al. 2008), joten tämän haploryhmän diversiteetti ei ole voinut syntyä Suomessa: maa oli siihen aikaan mannerjäätikön alla. Nämä linjat ovat siis saapuneet Suomen alueelle joko yhtäaikaaisesti tai erikseen, ja mahdollisena lähtöalueena voidaan pitää aluetta jolla tavataan näitä kaikkia linjoja ja mahdollisesti myös niiden väliin jääviä alahaploryhmiä (U4a\*, U4\*, U4d\*). U4a2:ta on eniten ukrainalaisilla, nenetseillä, slovakkeilla, virolaisilla, udmurteilla ja venäläisillä; U4a2a:ta on eniten nenetseillä, ukrainalaisilla, latvialaisilla, venäläisillä ja slovenialaisilla. Nämä kaksi linjaa keskittyvät siis slaavilaisille ja uralilaisille kansoille. U4d:stä on vähemmän tietoa, mutta sitäkin on ainakin slaaveilla.

Suomalaisten U4 lienee siis peräisin kaakon suunnalta, ja koko haploryhmä näyttäisikin syntyneen Uralin tienoilla (Malyarchuk et al. 2004). Koska suomalaisilla on aivan samoja alahaploryhmiä kuin muillakin kansoilla, ei tämäkään itäinen haploryhmä välttämättä ole Suomessa kovin vanha; ehdoton takaraja on runsaat 7 000 vuotta, jota ennen U4a2 ja U4a2a eivät olleet vielä syntyneet eivätkä siis voineet Suomeen levitä. Suomen alueella U4 keskittyy selvästi eteläiseen ja kaakkoiseen Suomeen, joten tulosuunta näyttää tälläkin perusteella olevan kaakko.

## Yhteenveto

Kaikille neljälle itäiselle äitilinjalle on yhteistä se, että suomalaisilla tavattavat alahaploryhmät tai suomalaisten yleisimmät alahaploryhmät ovat nuoria: W1a ja W1b ovat syntyneet muutama tuhat vuotta sitten Suomessa, Z1a ja D5a3a samoihin aikoihin Uralin lähistöllä ja U4a2 mahdollisesti jossain Venäjällä nelisen vuosituhatta aikaisemmin. W ja U4 ovat Euroopassa laajalevikkisempiä: ensimmäistä tavataan Britteinsaarilla asti ja jälkimmäisen alaryhmää U4b on luonnehdittu ”germaaniseksi”, ja se puuttuu uralilaisilta kansoilta (Tambets et al. 2003). Ne lienevät myös vanhempia Euroopassa: W1 on voinut tulla Suomeen jo paljon ennen kuin sen alaryhmät syntyivät, samoin mahdollisesti U4d. Näiden kahden linjan variaatiokin on suurempaa: suomalaisilla tavataan erilaisia alahaploryhmiä, jotka ovat mahdollisesti levinneet tänne eri aikoina ja ehkä jopa eri suunnilta.

Sen sijaan Z1a ja D5a3a puuttuvat läntisestä Euroopasta ja ovat syntyneet ja levinneet vasta myöhään Uralin länsipuolelle Eurooppaan. Paikan ja leviämissuunnan osalta ne voisivat liittyä uralilaisen kielen leviämiseen, jonka uudet ajoitukset ovat enää 4 000 vuoden ikäisiä. Ehkä myös jokin U4a2:n alaryhmä liittyy erityisesti uralinkielisiin kansoihin, mutta uralilaisten kansojen geenien selvittely vaatii kokonaan oman kirjoituksensa. Sen sijaan haploryhmä W tuskin liittyy uralilaisiin kansoihin, koska sitä ei Siperiasta ole lainkaan tavattu (Derbeneva et al. 2002; Derenko et al. 2003; Pimenoff et al. 2008). Sen leviämisreitti onkin selvästi eteläisempi.

## Lähteet

- Belyaeva et al. 2003: Mitochondrial DNA Variations in Russian and Belorussian Populations. – *Human Biology*, Volume 75, Number 5.
- Bermisheva et al. 2002: Diversity of Mitochondrial DNA Haplogroups in Ethnic Populations of the Volga–Ural Region. – *Molecular Biology*, Vol. 36, No. 6.
- Derbeneva et al. 2002: Traces of Early Eurasians in the Mansi of Northwest Siberia Revealed by Mitochondrial DNA Analysis. – *American Journal of Human Genetics* 70.
- Derenko et al. 2003: Diversity of Mitochondrial DNA Lineages in South Siberia. – *Annals of Human Genetics* 67.
- Derenko et al. 2010: Origin and Post-Glacial Dispersal of Mitochondrial DNA Haplogroups C and D in Northern Asia. – *PLoS ONE*, volume 5, issue 12.
- Finnilä et al. 2001: Phylogenetic Network for European mtDNA. – *American Journal of Human Genetics* 68.
- Gokcumen et al. 2008: Genetic Variation in the Enigmatic Altaian Kazakhs of South-Central Russia: Insights into Turkic Population History. – *American Journal of Physical Anthropology* 136.
- Grzybowski et al. 2007: Complex interactions of the Eastern and Western Slavic populations with other European groups as revealed by mitochondrial DNA analysis. – *Forensic Science International: Genetics* 1.
- Hedman et al. 2007: Finnish mitochondrial DNA HVS-I and HVS-II population data. – *Forensic Science International* 172.
- Helgason et al. 2001: mtDNA and the Islands of the North Atlantic: Estimating the Proportions of Norse and Gaelic Ancestry. – *American Journal of Human Genetics* 68.
- Häkkinen, Jaakko 2010: Jatkuvuusperustelut ja saamelaisen kielen leviäminen (OSA 2). – *Muinaistutkija* 2 / 2010.

- Ingman & Gyllensten 2007: A recent genetic link between Sami and the Volga-Ural region of Russia. – *European Journal of Human Genetics* 15.
- Lappalainen et al. 2008: Migration Waves to the Baltic Sea Region. – *Annals of Human Genetics* 72.
- Malyarchuk, Boris 2004: Differentiation of the Mitochondrial Subhaplogroup U4 in the Populations of Eastern Europe, Ural, and Western Siberia: Implication to the Genetic History of the Uralic Populations. – *Russian Journal of Genetics* 40.
- Malyarchuk et al. 2008: Mitochondrial DNA Phylogeny in Eastern and Western Slavs. – *Molecular Biology and Evolution* 25 (8).
- Malyarchuk et al. 2010: Mitogenomic Diversity in Tatars from the Volga-Ural Region of Russia. – *Molecular Biology and Evolution* 27 (10).
- Pimenoff et al. 2008: Northwest Siberian Khanty and Mansi in the junction of West and East Eurasian gene pools as revealed by uniparental markers. – *European Journal of Human Genetics* 16.
- Pliss et al. 2006: Mitochondrial DNA Portrait of Latvians: Towards the Understanding of the Genetic Structure of Baltic-Speaking Populations. – *Annals of Human Genetics* 70.
- Quintana-Murci et al. 2004: Where West Meets East: The Complex mtDNA Landscape of the Southwest and Central Asian Corridor. – *American Journal of Human Genetics* 74.
- Starikovskaya et al. 2005: Mitochondrial DNA Diversity in Indigenous Populations of the Southern Extent of Siberia, and the Origins of Native American Haplogroups. – *Annals of Human Genetics* 69.
- Tambets et al. 2003: Complex Signals for Population Expansions in Europe and Beyond. Estonian Biocentre / University of Tartu.
- Tambets et al. 2004: The Western and Eastern Roots of the Saami – the Story of Genetic 'Outliers' Told by Mitochondrial DNA and Y Chromosomes. – *American Journal of Human Genetics* 74.
- Tömöry et al. 2007: Comparison of Maternal Lineage and Biogeographic Analyses of Ancient and Modern Hungarian Populations. – *American Journal of Physical Anthropology* 134.
- Volodko et al. 2008: Mitochondrial Genome Diversity in Arctic Siberians, with Particular Reference to the Evolutionary History of Beringia and Pleistocenic Peopling of the Americas. – *The American Journal of Human Genetics* 82.
- Yao et al. 2008: Phylogeographic Differentiation of Mitochondrial DNA in Han Chinese. – *American Journal of Human Genetics* 70.