

## Y-DNA N –Haplogroup and its Subclades (ISOGG last version 10.08.2012)

### **N- haplogroup on suomensukuisten miespuolisten väestöjen geenijatkumo (YDNA) 22- 35.000 eaa. alkaen to nowadays.**

**N-ryhmän väestöjen geneettinen esi- historia** (ks. [Seppo Liukko kotisivut](#))  
HUOM! Suomensuk. väestöt ja suomensukuisten kieli, LGM- 22.000- 16.000 eaa. alkaen.

### **Finns N –haplogroup branches prehistory (short 6 pages):**

Ks. mm. Wikipedia Eurooppalaisten alkuperä. Sapiens-sapiens väestöjen saapuminen Eurooppaan 35.000-22.000 eaa.. **Nämä väestöt olivat ural – kielisiä suurriistanmetsästäjiä** Siperiasta Eurooppaan. ja olivat ensimmäisiä **CroMagnon –Aurignac – ihmisiä Euroopassa (mm. Kostenkin- Solutren).**

**1. N- M231+ . Eurooppaan tulleet ensimmäiset CroMagnon-** eli nykyihmiset (Sapiens-sapiens) olivat metsästäjien N- ryhmän väestöä. Suurriistanmetsästys levisi Etelä-Aasiasta Eurooppaan Ural-vuorten yli n. 28000- 35.000 eaa. aikana. Näiden väestöjen haploryhmän shorthand oli **M231+** (tämä näkyy edelleen nykyisten ihmisten mittaustuloksissa mm. kirjoittajan N1c1a1a1 haploryhmän tuloksessa –löytyy tämä N-haploryhmän vanhin SNP eli M231, ks. mm. Family TreeaDNA 2012-SL).

**2. N1- LLY22g. Tämä uusi N\* - ryhmän SNP –mutaatio on tapahtunut.** Eurooppaan laajalle alueelle N –ryhmän geneejiä levittänyt Aurignac -väestö harjoitti suurriistanmetsästystä Uralilta Pyreneille, tämän N-ryhmän mutaation tunnuksiset ovat N-ryhmän väestöllä näkyvissä edelleen. Eli M231 väestölle tapahtui n.28.000 - 22.000 eaa. SNP – mutaatio **LLY22g+** (tämä toiseksi vanhimmaksi merkitty N- haploryhmän SNP – LLY22b, löytyy myös kirjoittajan SNP- alaryhmissä löytyy LLY22g –eli N1- SL).

### **LGM eli jääkauden maksimin aika Euroopassa:**

N-ryhmän väestöjen ”kasaantuminen” ja - yhtenäistyminen Ukrainan refugissa 22.000 – 16.000 eaa. (LGM-) aikana. Ukrainan- Aasian (Siperian) –refugin tiivistymisessä kehittyi myös yhteinen kieli, joka oli suurriistanmetsästäjien prestiisi ural kielestä – kehittyi suomensukuisten kieli ja samalla ns. suomensukuisten (-kielisten) N1C- ryhmän väestöjen muodostuminen. **Kaikki myöhemmät SNP-mutaatiot ovat tapahtuneet jääkauden maksimin - eli n. 16.000 eaa. jälkeen.**

### **3. N1C (tunnus L729), tämä mutaatio olisi tapahtunut n. 16.000- 10.000 eaa. aikana.**

Tämä oli ns. jääkauden maksimin jälkeistä suurriistanmetsästystä laajoilla alueilla Pyreneiltä-Uralille (Huom. merenpinnat yli 100 metriä alempana, mm. Brittein saaristo oli silloin maakannasyhteydessä Eurooppaan. Kun Brittein saarilta löytyy N-ryhmän väestöjä, niin vanhin N1C leviäminen olisi voinut tapahtua jo tässä vaiheessa mm. Englantiin ja myös Beringin salmenkannasta pitkin mm. Amerikkaan).

#### 4. N1c1 - M46 , Tat (P105). N1c1 on muodostunut n. 10.000- 6.000 eaa. Tämän metsästäjäväestön geneettinen tunnus on N1c1, jonka SNPs tunnus on M46 tai Tat.

Nämä suomensukuiset väestöt (n. Keski-Euroopan Hampurin ja KUNDAn-kulttuurin väestöt, mm. Baltia-Suomi) jatkoivat metsästystä Euroopan eri alueilla suurriistanmetsästyksen jälkeen. Suurriistan (mm. mammutin) sukupuuttoon kuoleminen n. 10.000 eaa. muutti metsätyksen luonnetta, suomensukuisten alueet eriytyivät toisistaan- tilkkutäkkiteoria. Siksi Euroopassa on edelleen suomensukuisia väestöjä eri puolilla Eurooppaa, joka on nähtävissä nykyisinkin, mutta suurin osa ko. alueista on jo vaihtanut puhumansa kielen. Näillä alueilla mm. South Baltic Branch alueella on edelleen paljon alkuperäistä suomensukuista N1c1 väestöä (Tämä haploryhmä N1c1 löytyy myös tekstin kirjoittajalta M46+, joka vastaa Tat+( SL).

#### 5. N1c1a, M178 . Tämä N1c1 väestön M178 mutaatio on tapahtunut Kampakeramiikan ajan aikana ja se on nimenomaan suomensukuisten väestöjen (- ja kielten) jatkumoa, jääkauden maksimista (LGM) alkaen Euroopassa Neoliittiseen vallankumoukseen saakka. Silloin Eurooppaan tuli metsästäjien elinkeinon päälle ja valtavirraksi maanviljelyelinkeino ja samanaikaisesti maanviljelyyn liittyvät indoeurooppalaiset kielet.

Tässä esitetty N1c1 :n M178 mutaatio on tapahtunut n. 6.000 eaa. – 3.000 eaa. välisenä aikana. (Allekirjoittaneelta löytyy myös tämä N-haploryhmän SNP- tulos M178+, joka osaltaan osoittaa, että suomensukuisten esivanhemmat ovat kuuluneet jo kivikaudella N1c1a haploryhmään).

**PS. On huomattava, että mutaationopeus on huomattavasti hitaanpaa mm. metsästäjäväestöillä, kuin esim. maanviljely - ja nykyväestöllä.**

Maanviljely on tullut N-ryhmän metsästäjäväestöjen alueelle Alppien pohjoispuolelle n. 5500 eaa. alkaen ja kampakeramiikan eteläisille alueille n. 4000- 3000 eaa. alkaen. Kivikaudella uuden mutaation tapahtuminen on tutkimusten mukaan ollut huomattavasti hitaampaa kuin viimeisen 5000- vuoden aikana .

Siksi em. tässä luettelossa mainitut N- N1c1 muutokset ovat tapahtuneet n. 10.000- 4000 vuoden välein ja alla olevassa nuoremmissa vaiheissa n. 3000- 1000 vuoden välein.

### Myöhemmät N1c1a- haploryhmään tulleet SNP- alaryhmät

#### 6. N1c1a1, L708.

**Tähän edeltävään haploryhmään N1c1a:n tullut alamutaatio SNP on merkitään L708, tai L839 ( myös allekirjoittaneelta on mitattu tulos L708+. SL).**

N1c1a1 –haploryhmän väestö on Euroopan alueen, Ural-vuorilta länteen olevan suomensukuisten väestöjen genetiikkaa. N1c1 + SNP L708 -alaryhmä -mutaatiot ovat syntyneet n. 4000 -3000 eaa. eli suomensukuisten kampakeramiikan aikana. Tällöin puhuttu kieli oli vielä laajoilla alueilla suomensukuisten kieli, kuten nykyisten Ruotsin, Baltian, Puola-Preussin ja Venäjän alueilla alkuperäisväestö on suomensukuisia.

Nämä N1c1a1 eli SNP L708 olevat väestöt ovat myös sitä vanhempaa **Pre- Proto- väestöjä Rurikeille ja Gediminas-Jagello** hallitsijoille Novgorodissa ja Liettua- Puola- sekä Preussin alueilla, mutta heillä ei ole tapahtunut Rurikeille ominaista L550 mutaatiota.

**KYSYMYKSI:** Miksi suomensukuiset metsästäjät ovat alkuperäisasukkaita nykyisen Suomen ja Viron lisäksi ovat myös mm. Venäjän, Etelä –Baltian – Puolan –Preussin (South Baltic) ja Skandinavian alueilla.

**VASTAUS:** Koska silloin indoeurooppalaisia slaavi- ja germaani- maanviljelijöitä ei vielä ollut näillä pohjoisimmilla suomensukuisten laajoilla alueilla 3000 eaa. aikana. Suomensukuisten kieli ei vielä silloin ollut vaihtunut ko. alueilla.

**Faktaa ko. asiasta: ks. mm. Ruotsin alkuperäisasukkaiden suomensukuisten metsästäjien n. 5000 vuotta sitten eläneiden ihmisten yDNA tutkimus 2012**, Oliko metsästäjiä ennen maanviljelyn tuloa Ruotsissa ja ovatko metsästäjien geenit säilyneet.

Tulos: **Metsästäjäväestöjen haploryhmä oli N- ryhmää, joka on lähinnä nykyisten suomensukuisten geneetiikkaa**. Em. tutkimuksen tiedot löytyvät mm. Seppo Liukko kotisivuilta:

<http://www.elisanet.fi/liukkohistoria/> tai suoraan tästä: <http://www.nature.com/news/ancient-swedish-farmer-came-from-the-mediterranean-1.10541>)

## **7. N1c1a1a, jonka ilmoittaa SNP-L392, L1026/Z1973 (ei tutkittu SL).**

Mutaatiot ovat tapahtuneet kampakeramiikan loppuvaiheessa ja mm. vasara-kirveskulttuurin vaikutuksesta suomensukuisten N1c1- ryhmään, Puolan Baltian ja Fennoskandian alueella n. 3200- 2000 eaa. aikana.

## **8 N1c1a1a1, Tämä on Rurikien suomensukuisten esi-isien haploryhmää.**

Löytyypä tätä haploryhmää (SNP L550) sitten vaikka nykyajan Suomesta, Ruotsista, Venäjältä, Baltiasta, Puolasta. Se on alkuperäistä suomensukuista N1C > N1c1 muuttunutta haploryhmää. **Nykyisten 2007 tutkimusten mukaan Rurikelille kuuluva haploryhmän subclades- SNP- alaryhmä on nimenomaan L550+ , ja samalla L1025-** (tämä tulos on mitattu mm. tekstin kirjoittaneelta , joka osaltaan osoittaisi suomensukuisten olevan ennen Rurikia olevaa Proto tai Pre-väestöä- SL),

### **Mutaatio on tapahtunut suomensukuisten isälinjalle n. 2000 - 200 eaa. aikana..**

Nämä väestöt ovat alueillaan edelleen, joihin ensiksi assimiloituivat tulevat maanviljelijäväestöt, näiden N1c1 alkuperä on olemassa ko. alueilla. He ovat suomensukuisten väestöjen geneetiikan jälkeläisiä, vaikka ne nykyisin tunnettaisiin Ruotsin-, Baltian- maina tai Venäjän alueiden nykyväestöinä (ko. n. 2000-200 eaa. aikana puhuttu kieli oli vielä silloin näiden alueiden alkuperäistä suomensukuisten kieliä).

Nykyihmisistä löydetty **N- ryhmän geneetiikka** on peräisin suomensukuisten metsästäjien ajoilta ennen länsigermaani- tai slaavien nousua suomensukuisten metsästäjien laajoille alueille. N-ryhmien väestöt ovat kuitenkin edelleen samojen N1c > N1c1 väestöjen jatkumoa (ks. loppuyhteenveto - jatkuvuusteoria).

**Forest Finns**; a lot of people in Finland had gone (migration) to Sweden ab.1500 - 1600's. They are the most yDNA N1c1-haplogroup, such as 192844 **Mats Larsson** Liukkoin, ca 1620, Lekvattnet, Sweden, but from Finland.

These Forest Finns have gone out there to America as the 1600's., Ex. John Morton – Martti Marttinen Family, origin from Finland and N- haplogroup (see; [http://en.wikipedia.org/wiki/John\\_Morton\\_\(politician\)](http://en.wikipedia.org/wiki/John_Morton_(politician)) and [United States Declaration of Independence](#)).

### **P.S. Suomensukuiset Pre (Proto) Rurikit ja Rurikids:**

**Rurikin sukulaiset eroavat** pääasiassa paaneli - markerin DYS 395S1b arvon kohdalla. –**Rurikin- sukua ovat aikaisemmissa N1c1 haloryhmissä**, joilla on positiivinen SNP tulos L550+ ja negatiivinen L1025- (esim. SL).

Rurikien DYS - alleelin myöhempi mutaatio näkyy asiaa tutkineen **tohtori A. Bajorin mukaan** DYS3951b:n kohdalla. Siksi tämän Proto N1c1- ryhmän erona varsinaiseen

Rurik Dynastiaan on se, että nämä ovat aikaisempaa suomensukuista (**PROTO RURIK- ) L550+ haploryhmää (ovat esi-isiä Rurikeille).**

Nykyisillä väestöillä N-ryhmää seuraavasti; Baltiassa (n. 40%) ja erityisesti Suomessa (n. 60%), näiltä väestöiltä löytyy myös mm. **Rurikeille määritelty SNP arvo L550+ (ja samalla myös L1025 on neg)**, kuten on tekstin laatinella Seppo Liukolla\* (ks . tarkemmin alla Liukko –Heikkilä- Hillberg yDNA).

Suomensukuisten geenistö on vanhempaa, erona on **vain DYS395S1b arvo on 17 ( ), kun taas Rurikien-suvun jälkeläisillä (prince- cousin) ko. DYS alleelin arvo on 18 (tämä mutaatio on tapahtunut DYS3951b 17 alleelille).**

Tästä on Rurik Dynastia Projekt admistraattorin Dr. Andrzej Bajor (Puola) ilmoitus tekstin kirjoittaneelle Seppo Liukolle 8.7.2012, että Family Tree yDNA henkilökohtaiset tulokset **N1c1 ja L550+** osoittavat **Rurikien - sukua edeltävää isälinjaa** (Proto - Rurikit) tai sellaista rinnakkaista isälinjaa, joka olisi ollut hyvin läheinen serkku:

This is also confirmed by your **DYS395S1b = 17**, instead of 18, **like in case of Rurikids**, or **"very close" Proto-Rurikids**

Rurikik- N1c1a1a geeniryhmään kuuluvat L550+ ja L1025- ovat vanhempaa DYS395S1b arvon 17 alleelia. Näille on siis tapahtunut ko. DYS arvon 18 mutaatio, jotka ovat Rurikien lähisukua. (*Rurikeja edeltävä suomensukuisten N-ryhmän L550+ genetiikan väestö on Proto Rurik genetiikka*).

## **9. N1c1a1a1a, SNP tunnus on L1025 (tulos L1025- on SL negat).**

**Tämä mutaatio on tapahtunut suomensukuisten N- ryhmään varhaisimpien germaani laajentumisien aikana.** Tämä on tapahtunut n. 1200 eaa. – 200 eaa. eli pronssi- ja vanhemman rautakauden aikana N1c1a1a1- ryhmän väestöille, näiden myöhempää isälinjaa ovat mm. alla olevat suomensuiset, joita sanotaan South-Baltic-ryhmään kuuluviksi. Se on viimeisimpiä todettuja mutaatioita ja on siirtynyt mm. L550+ väestön (ja Rurikien) kautta mm. Gediminid- Jagello – suvulle.

**Tätä mutaatioryhmää on sanottu South Baltic Branch- nimellä**, mutta nämäkin N-ryhmän väestöt ovat alkuperäisten suomensukuisten väestöjen genetiikkaa, joiden isälinja lähtee N (LLY22g) >N1C > N1c1 – haploryhmistä (n. 15- 30.000 vuoden takaa).

## **10. N1c1a1a1a1, SNP muoto on L551+ L149,2 +**

**(L551-, L149,2-, SL negat).** Tämä on nyt tiedossa oleva N-ryhmän viimeisin mutaatio. Se on tapahtunut n. 200 eaa. – 800 jaa. aikana eli viimeistään kansainvaellusten aikana.

Family Tree yDNA markerien /SNP mutaationopeustietojen perustella on laskettu, että esim. **L550+ olisi tapahtunut n. 2000 eaa.** Tämä muunnos on tapahtunut **suomensukuisten N- ryhmän väestöille**, varhaisimman maanviljelyn eli kaskiviljelyn leviämisen aikana mm. Baltiassa, Suomessa ja Skandinaviassa. Tarkastelussa on huomattava, että Euroopassa metsästäjäväestöjä nuoremmat

indoeurooppalaiset maanviljelijäväestöt (*I-tai R1b* -ryhmän väestöt) eivät ole metsästäjien alkuperäistä N- ryhmän väestöjä.

## \*FamilyTree Advanced SNP Test

Seppo Liukko 23.7.2012 tulokset (SL **keltainen**).

FT Haplogroup Selected SNPs (Haplogroup -Tests Taken).

Liukko Heikkilä > Hillberg yDNA SNP test:

1. **N - M231+** (Löytyy allekirjoittaneen SNP- tuloksesta. Se on N-ryhmän väestöjä Siperiasta Uralvuorten yli koko Eurooppaan mm. Pyreneille )
2. **N1 - LLYg22+** (suurriistanmetsästäjät ennen jääkauden maksimia)
3. **N1C L729** (suomensukuiset suurriistanmetsästäjät Euroopan laajalla –alueella LGM:n jälkeen)
4. **N1c1 - M46+ (= Tat+)** (**Hampurin> Kundan-kulttuurien väestöjä**)
5. **N1c1a -M178+** (Laajan- alueen suomensukuisten **Kampakeraamiikan aikana**)
6. **N1c1a1 L708+** (Uralvuorilta länteen, sis. edellisten genetiikan, etelästä tulossa suomensukuisten alueille neoliittinen maanviljelyväestö –indoeurooppalainen kieli )
7. **N1c1a1a = N1c1 L392, L1026** (ei mitattu SL, - myöh.)
8. **N1c1a1a1 = N1c1 L550+** Tämän ovat suomensukuisia pre /proto- Rurik- isälinjaa, jotka ovat mm. Rurikid ja Gediminas- Jagello –isälinjojen esi-isiä.  
**Tämäkin ryhmä sisältää jatkuvuusteorian mukaisesti kaikki edelliset SNP muunnokset,** kuten mm. allekirjoittaneella **SL, ne ovat M231, LLYg22, M46+/Tat+, L708+ ja L550+ saakka**)
9. **N1c1a1a1a = N1c1 L1025, L1025+** Em. SNP on tyypillinen Gediminas/Jagello N- ryhmässä, mutta **negat. Rurik Cousins ja Proto Rurikeille, kuten SL.** (mitattu tulos SNP 1025- osoittaa Gediminid/Jagello ryhmää ennen olevaa suomensukuisten esivanhempien L550+ ryhmää).  
**N1c1a1a1a on ns. Gediminid (*South Balitic* branch) - muunnokset pohjautuvat myös aikaisempaan vanhempaan suomensukuisten isälinjaan, (ks. mm. *Rurik Dynasty sivut / tutkija tohtori A. Bajor*).**
10. **N1c1a1a1a1, Ryhmä L551+, L149.2+, L1025-**  
Tämä ryhmä on uutta ISSOG määritelmää ( *SL negatiiviset L551- ja L149,2-*)

HUOM!

Geneettinen mutaatio tapahtuu vain edelliseen haploryhmään kronologisessa järjestyksessä.

**N- haploryhmässä aikaisempien SNP- mutaatioiden löytyminen tarkoittaa suomensukuisten väestöjen geneettistä jatkumoa (jatkuvuusteoria).**

Esimerkiksi allekirjoittaneella on todettu 23.7.2012 mennessä, että isälinja (yDNA) alkaa N-ryhmän alusta (**M231+**), ja on myös N1- **LLg22+**, sekä suomensukuisten tunnistettavaan **Tat+ /M46** ryhmään saakka, jota merkitään **N1c1- haploryhmänä** (*positiivinen mittaustulos ilmoitetaan [+]* merkillä).

Suomensukuisten isälinja muuttuu N1c1- jälkeen mutaatiolla, jonka ilmoitetaan haploryhmämerkinnällä **N1c1a**, joka voidaan osoittaa myös alaryhmä SNP- tunnuksella **M178+**.

Tämän jälkeen tapahtunut muutos n. 500- 1000 - vuoden aikana synnyttää alaryhmän, joka merkitään **N1c1a1**, ja tunnistus on **L708**.

Suomensukuisten isälinja jatkuu tästä **N1c1a1a**:n, jonka toteaminen edellyttää mitattua tulosta SNP- **L392 ja L1026** (tätä ei ole testattu vielä SL:tä).

**Suomensukuisten isälinjaa on myös N1c1a1a1 L550. SNP- (Tai S431).**

**L550 muunnosta sanotaan myös Proto Rurikid- ryhmäksi** (mm. SL oma yDNA tulos N1c1a1a1 SNP L550+ osoittaa, että se on Rurikien - genetiikkalinjan esi- isiä tai isälinjan kautta läheinen serkku).

**Myöhemmin on tapahtunut vielä lisää alaryhmämutaatioita** (joita tapahtuu edelleen n. yksi n. 1000n vuoden aikana(mutaationopeus vaihtelee- ei vakio) mm. **Proto-Rurikien ja Rurikien** jälkeen löytyy mm. **Gediminid- Jagello- YDNA- N- ryhmä**, jossa on L1025+, **L551+ ja L149,2+**

## GENEETTINEN JATKUVUUS

**Suomensukuisten väestöjen geneettinen jatkuvuusteoria (n. 15- 30.000 vuoden aikana):**

**Genettisen jatkumossa on huomattava, että myös Rurikien lisäksi** mm. Gediminid- Jagellojen isälinjat (yDNA) ovat peräisin suomensukuisilta väestöiltä, alkaen ketjusta N > N1 > N1c > N1C > N1c1(Tat):n jälkeen ja SNP -tuloksilla ilmaistuna alkaen LLY22g+> M178+, M46/Tat+, L708+, L550+, L551+, L1025+ ja L149,2+:n (eli N1c1a1a1a1) saakka.

**Yllä esitetty SNP- mutaatioiden tulokset esim. N1c1a1a1:n saakka osoittavat, että suomensukuisilla väestöillä on merkittävä peruste geneettisestä jatkumosta N-ryhmän alustaja/tai jääkauden maksimista (LGM) alkaen (N1C).**

Tämän ketjun todelliset SNP- mutaatiotulokset voi tarkistaa myös kirjoittajan omista tiedoista (yllä kelt), jossa Y-DNA isälinjojen haploryhmät muuttuvat uusien SNP- tuloksien perusteella, ja löytyvät kaikki mm. allekirjoittaneen tuloksista kronologisesti alkaen **N- perusryhmästä** viimeiseen tällä hetkellä todettuun haploryhmään **N1c1a1a1:n** L550+ saakka.

**Jatkuvuusteorialle on pohjaa**, koska testituloksissa kaikki aikaisemmat suomensukuisten N-ryhmän SNP – mutaatiot tuhansien vuosien ajoilta, löytyvät edelleen nykyisten N- ryhmän väestöjen yDNA – tuloksissa (Edellyttäen, että näitä SNP- arvoja on pyydetty erikseen mitattavaksi).

Family Tree-, arkeologia- sekä historiatietojen pohjalta kirjoitti 9.8.2012 Seppo Liukko.

Täydennetty 27.10.2012 ISSOG- SNP- alaryhmien tarkennuksen vuoksi.