

alkuperäinen lähde:

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1469-1809.2007.00429.x/full>



Tall. 9.2.2014

Sinulla on täysi teksti pääsy tähän OnlineOpen artikkeli

## Muuttoaallot Itämeren alueen

1. T. Lappalainen 1 ,
2. V. Laitinen 2 ,
3. E. Salmela 1,3 ,
4. P. Andersen 4 ,
5. K. Huoponen 2 ,
6. M.-L.Savontaus 2 ,
7. P. Lahermo 1, \*

**Artikkeli julkaistiin ensimmäisen kerran verkossa: 21 FEB 2008**

**DOI: 10.1111/j.1469-1809.2007.00429.x**

© 2008 Tekijät lehden kokoaminen © 2008 University College London

Kysymys



Annals of Human Genetics, [Volume 72](#) , [Issue 3](#) , sivut 337-348 , toukokuu 2008

### Yhteenveto

Tässä tutkimuksessa väestön historia Itämeren alueen tiedetään vaikuttaa erilaisia muuttoliikkeitä ja geneettisen esteitä, analysoitiin käyttämällä sekä mitokondrion DNA ja Y-kromosomi-data. Yli 1200 näytteitä Suomessa, Ruotsissa, Karjala, Viro, Setoland, Latvia ja Liettua genotyyppitettiin 18 Y-kromosomikaksialleelin polimorfismit ja 9 yksioiden lisäksi analysoimalla 17 koodaavan alueen polimorfismeja ja HVS1 alue mtDNA.

**Kävi ilmi, että väestö Itämeren alueen ovat geneettisesti samankaltaisia, mikä viittaa siihen, että se on ollut tärkeä reitti paitsi kulttuurin välittämiseen, vaan myös väestön muuttoliike.** Kuitenkin monet

vaellukset vaikuttavat alueella Keski-Euroopasta, Volgan-Uralin alueen ja slaavilainen väestö on ollut määrällisesti erilainen vaikutus väestön, ja lisäksi vaikutukset geneettinen ajautuminen ovat lisänneet eroja väestön erityisesti pohjoiseen. Mahdollisia selityksiä korkeilla taajuuksilla useiden haploryhmät kanssa alkuperään Iberian refugia (H1, **U5b**, I1a) on myös keskusteltu.

## Käyttöönotto

Analysointi ja erottamalla erilaisia muuttavien ja väestörakenteen tapahtumia nykyisestä geneettistä vaihtelua alue on haastava tehtävä. Kun väestö geneettiin tutkimuksiin, joiden tavoitteena on leikellä väestön historiaa, analyysi on perinteisesti koostui yhdistämällä geneettiset tiedot kunkin populaation ja vertaamalla väestön käyttäen erilaisia tilastollisia menetelmiä. Kuitenkin on osoitettu, että tämä lähestymistapa ei ole täysin ongelmaton, sillä erot haploryhmät yleensä selittää suurempi osuus koko varianssi kuin erot väestöryhmien ( [Bosch ym. . 1999](#) ). Siten ottaa ainoastaan väestöryhmille pääyksikön opinto ilman yhdistelmä linjan perustuvaa tietoa voi johtaa menetykseen tietoa ja epäonnistuminen tunnistaa hienovaraisempia trendejä. Todellakin, phylogeographic analyysit Haploryhmä vaihtelu on kasvanut suuresti ymmärrystämme väestön historiaa laaja maantieteellinen ja ajallinen mittakaava, ja tulkinta haplogroup frekvenssi keskuudessa väestön nojaa vahvasti tietoon historiallisen kerrostumista haploryhmissä edustavat. Läpi historiansa populaatiot Itämeren alueen on vaikuttanut vaellukset sekä Länsi- ja Keski-Euroopassa sekä idästä.

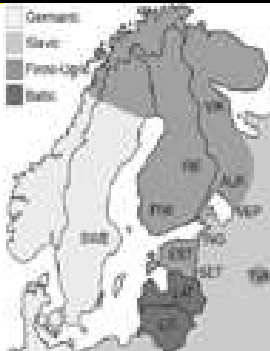
**Alue oli ensimmäinen ratkaistaan niin kaakkoon ja etelään pian perääntymisen mannerjäätikön noin 12 000 vuotta sitten. Ensimmäinen keraaminen kulttuuri Skandinaaviassa oli Etelä alkuperää, kun taas Itä- ja Pohjois rantojen Itämeren vaikutti kampakeraamisen kulttuuria, joka voi olla suomalais-ugrilaisten yhdistys.**

**Nämä varhaiset neoliittinen kulttuurien seurasi Nauhakeraaminen-Johdollinen Ware ja pronssikauden kulttuureista, jotka vaikuttivat Pohjois-Saksassa, Skandinaaviassa, Baltian maissa ja rannikon Suomessa.**

**Koillis kuitenkin oli läheiset siteet Venäjän alueelle erityisesti pronssi- ja Early Iron Age. ( [Huurre 1990](#) , [Siiräinen 2003](#) )**

Myöhemmin poliittisen ja väestön historiat maiden kietoutuvat Ruotsin ja Venäjän vaikutusvallan laajoilla alueilla. Lisäksi saksalaiset on ollut näkyvä rooli urbaanin elämän etenkin Baltiassa ( [Alenius 2000](#) ).

**Tällä hetkellä kielellinen vaihtelu Itämeren alueella on merkittävä: neljä suurta kieliryhmien: suomalais-ugrilaisten ja Indo-Euroopan oksat Baltic, germaanien ja slaavilainen ( [kuvio 1](#) , [taulukko 1](#) ).**



**Kuva 1.** kartta tutkittu väestön ja heidän **kieliryhmiä.**

Lyhenteille, katso [kuva 2](#) .

**Muuttoaallot Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän**

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut **3 / 24**

Kieli	Violainen	Latvialainen	Liettualainen	Karjalainen	Itä-Suomi	Länsi-Suomi	Ruotsi
	Suomalais-ugrilainen	IE 1 / Baltic	IE 1 / Baltic	Suomalais-ugrilainen	Suomalais-ugrilainen	Suomalais-ugrilainen	IE 1 / germaaninen
1. 1 IE: Indo-Euroopan							
Y * (xC, DE, F)	0	0	0	0	0	0.4	0
C	0	0	0	0	0	0.4	0
DE	2.5	0.9	1.2	2.3	0	0.9	1.3
F * (XI, J, K)	0.8	0.9	1.8	0.8	0,3	0.4	4.4
<b>I1a</b>	11.9	3.5	4.9	15.2	19	40	35.6
I1b	4.2	2.7	4.9	2.3	0	0.4	0
I1c	0.8	0.9	1.8	0	0,7	0.9	1.9
J	1.7	0	1.8	0	0	0	0
K * (x, P)	0.8	0	0	0	0	0	0,6
<b>N *</b> (XN2, 3)	0	0	0	0	0	0.4	0
N2	0	0	0	0.8	0	0.9	0
<b>N3</b>	<b>33,9</b>	<b>41,6</b>	<b>43,9</b>	<b>53</b>	<b>70.9</b>	<b>41,3</b>	<b>14.4</b>
P * (xQ, R)	0.8	0	0,6	0	0	0	4.4
Q	0.8	0.9	0	0	0,3	0	0
<b>R *</b> (xR1a, R1b)	0	0	0	0	0,3	0	0
R1b	4.2	9.7	4.9	0.8	2.6	5.2	13.1
<b>R1a1</b>	37,3	38,9	34.1	25	5.9	8.7	24.4
n	118	113	164	132	306	230	160

**Taulukko 1.. Y-kromosomi-haplogroup frekvenssi (%) sisällä väestön ja heidän kielellisestä vakaumusta**

**Tässä tutkimuksessa olemme analysoineet väestön historiaa Itämeren alueella.** Tämän

saavuttamiseksi olemme tutkineet vaihtelu sekä mitokondrion DNA: n ja Y-kromosomi, jossa erityinen painotus kuvaavat alueellista phylogeography yleisimmistä haplogroups. Analyysi kattoi sekä sisäinen vaihtelu alueella sekä immigrations Itämeren alueella.

## Aineisto ja menetelmät

### Näytteet ja Genotyypitys

Verinäytteet kerättiin terveiltä liity yksilöiden populaatioista Itämeren alueella ( [Kuva. 1](#) , [taulukko 1](#) ). Kaikki näytteet kerättiin mukaan julistuksen periaatteita Helsingin (1964), ja hanke on hyväksytty paikallisten eettisten komiteoiden. Ruotsin näytteet tulee lähinnä Itä-Ruotsista. Hankkia tarvittavat otoskoot, Aunuksen, Tverin ja Vienan karjalaisten, vepsäläisten, inkeriläiset ja 44 ylimääräistä Karjalan näytteet yhdistettiin yhdessä karjalaisia Y-kromosomi-analyysi ja joitakin mtDNA laskelmia. Vastaavasti, virolaiset, latvialaiset, liettualaiset ja Seto yhdistettiin kuin balttien joissakin analyyseissä. Seto eivät sisälly Y-kromosomi-analyysi, koska niiden pieni määrä uros näytteitä. Vaikka nämä järjestelyt voivat aiheuttaa kärsimättä päätöslauselmaa tai jopa pieni bias, yhdistämällä läheisesti väestön on vielä parempi syrjäytymisen tietomassaa. Osajoukko Suomen ja Baltian Y-kromosomi-tiedot on esitetty ennen, ( [Lappalainen et al. 2006](#) , [Laitinen et al. 2002](#) ) ja Suomi ( [Finnilä et al. 2001](#) ) ja Venäjän ( [Malyarchuk & Derenko 2001](#) , [Loogväli ym. . 2004](#) ) mitokondrion DNA-tietoja kerättiin kirjallisuudesta. Koska yhteensä mtDNA yhdistelmätila [Finnilä et al. \(2001\)](#) on ollut valikoiva hyödyttää joitakin haplogroups, osa sekvensoitujen näytteitä satunnaisesti oteta huomioon ennen mtDNA tiedot Hyväksytty totta haplogroup frekvenssi kaikki heidän [Taulukko 1](#) .

Yhteensä 1223 mies näytteitä genotyypitettiin 18 Y-kromosomi-bialleelinen polymorfismit (SRY-1532, M216, M203, P14, M170, M253, P37, M223, 12f2, M9, LLY22g, P43, Tat, M45, P36, M207, P25, M17) enimmäkseen Sequenom ® alustan, ja yhdeksän STR loci (DYS19, DYS385a / b, DYS388, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393). Alkaen mtDNA, yhteensä 1269 näytettä analysoitiin 17 SNP koodaavan alueen (663, 3010, 4529, 4580, 4769, 4833, 6776, 7028, 7309, 8994, 9055, 12308, 13263, 13368, 13708, 14470 , 5178). Karjalan ja Seto näytteitä ja SNP A13263G päässä koko näytejoukko genotyypitettiin RFLP analyysi, ja ruotsalaiset ja balttien analysoitiin Sequenom ®-alustalle. Lisäksi, hypervariaabelin segmentin 1 (HVS1) sekvensoitiin kaikki näytteet, joiden vakio-menetelmillä. Yksityiskohdat genotyypin ja Haploryhmä toimeksianto annetaan Täydentävät taulukossa 1.

### Tilastollinen analyysi

Y-kromosomi-haploryhmät rakennettiin alkaen bialleelinen markkeri tietojen mukaan yhteisten suuntaviivojen ( [Y-kromosomi Consortium 2002](#) ).MtDNA haploryhmät jaettiin perustuu sekä koodaavan alueen ja HVS1

polymorfismien ( [Finnilä et al. 2001](#) , [Loogväli et al. 2004](#) , [Richards et ai.1998](#) , [Macaulayn et ai. 1999](#) , [Kivisild et ai. 2002](#) , [Achilli et ai. 2004,2005](#) ). Taajuudet haploryhmissä laskettiin kunkin tutkituilla. Suoritimme phylogeographic analyysi Y-kromosomi-haploryhmissä N3, I1a ja R1a1, ja mtDNA haploryhmät H ja U, koska nämä haploryhmät oli riittävä määrä näytteitä analysointia varten malleja intrahaplogroup vaihtelua. Näissä mtDNA analysoi kaikki Suomen näytteet sekvensoitiin kuuluvien haploryhmät H ja U on käytetty ( [Finnilä et al. 2001](#) ). Verkko 4,112 ohjelmistoa käytettiin rakentamaan mediaani-liittymällä verkkojen intrahaplogroup vaihtelu ( [liittyä yhteen et al. 1995, 1999](#) ). Y-kromosomi-STR-markkereita valittu painot kääntäen mukaisesti vaihtelua haplogroup. Verkot yksinkertaistettiin poistamalla osittain pyöreä mukaisia rakenteita painotusjärjestelmää, ja ilman Singleton haplotyypeillä tapauksessa hyvin monimutkainen N3 verkko - kuitenkin singletons ovat luonnollisesti mukana laskettaessa yhtyminen iässä. Mitokondrion DNA-analyysi, koodaava alue polymorfismeja annettiin hyvin suuri paino, kaikkein HVS1 polymorfismeja jaettiin väli yksi, ja ne, HVS1 sivustoja mutaationopeus yli 3 kertaa keskiarvo HVS1 oli downweighted ( [Meyer et al. 1999](#) ). MtDNA kanta 16519 jätettiin pois verkosta ja yhtyminen ikä laskelmia, koska sen hypervariaabeli tilan. Suhteellinen otoskoot eri väestöissä laskettiin helpottaa tulkintaa verkon luvut peräisin väestön näytteitä eri suuruisia. Yhtyminen ikuisuuden haploryhmät laskettiin myös verkoston 4,112 ohjelmisto. MtDNA yhtyminen analyysi perustui HVS1 (16090-16365) vaihtelusta mutaationopeus 1 siirtymisen kohti 20180 vuotta ( [Forster et al. 1996](#) ). Y-kromosomi-yhtyminen arvioi nopeudella 1 mutaation 3623 vuotta käytettiin ( [Zhivotovsky et al. 2004](#) ). Myös Bayes-perustuvien laskelmien yhtyminen iän tehtiin ( [Wilson et al. 2003](#) ), mutta he osoittivat näin heikko vahvuutta pieniä poikkeamia tietoja verkon pidettiin parempana lopulliseen analysointiin.

Muihin analyysit suoritettiin Y-kromosomi- ja mtDNA tiedot kunkin väestöstä. Käytimme Arlequinissa 2,001 ohjelmisto ( [Schneider et al. 2000](#) ) laskelmia haplotype monimuotoisuuden ( [Nei 1987](#) ), keskimääräinen lukumäärä pairwise eroja, ja geneettiset etäisyydet mitataan F ST ja R ST ( [Slatkin 1995](#) ). Moniulotteinen skaalaus (MDS) tontteja geneettisiä etäisyyksiä rakennettiin R-ohjelmisto ( [R Development Core Team 2005](#) ). SAMOVA 1.0-ohjelmisto ( [Dupanloup et al. 2002](#) ) käytettiin arvioida geneettistä ryhmittely väestön. Sekoittumisen osuudet laskettiin Admix 2,0 ( [Dupanloup & Bertorelle 2001](#) ) alkaen Y-kromosomi-tietoja valituista väestön laskemalla molekyyli etäisyyden neliöön ero alleelin koon ja bootstrapping 50 000 replikaattia. Monimuotoisuus ja SAMOVA analyysit tehtiin myös kunkin suuren haplogroup. Lisäksi Hakusanalla yleisin Y-kromosomi-haplotypes meidän aineisto löytyivät Y-kromosomi-haplotyyppi viitetietokanta ( [Willuweit & Roewer 2007](#) , <http://www.yhrd.org> ).

## Tulokset

### Väestöpohjainen Y-kromosomi- analyysit

Y-kromosomi-tiedot on esitetty täydentävä taulukossa 2, ja haplogroup taajuudet [taulukossa 1](#) . MDS juoni geneettisen etäisyydet lasketun Y-kromosomi-data ( [kuva 2a](#) ), oli klusterit koostuvat balttien,

**Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän**

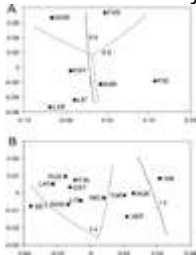
leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta 2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 6 / 24

**karjalaiset / Itä suomalaiset ja ruotsalaiset / Länsi suomalaisia, jonka osuus 8,0% vaihtelua.**

Väestön Baltian oli erittäin korkea haplotype monimuotoisuuden jopa 0,998, kun monimuotoisuus oli alhaisempi koillinen väestö (taulukko 2). Vuonna sekoittumisen analyysi virolaiset, vanhempien populaatiot latvialaisista + liettualaisten ja Itä + Länsi suomalaisilla oli kunkin sekoittumisen kertoimet  $0,81 \pm 0,20$  ja  $0,19 \pm 0,20$ . Muiden väestöryhmien määritelmä vanhempien väestön oli liian monimutkainen ja tuloksia liian heikko tuottaa hyviä arvioita sekoittumisen kertoimia.



**Kuva 2.** MDS tontti geneettisen etäisyydet lasketun Y-kromosomi-data (stressi 0,27) (A), ja koko mtDNA tiedot (stresssi 0,19) (B). Yhtenäiset viivat tarkoittavat jako kahteen ryhmään ja katkoviivalla jako kolmeen ryhmään SAMOVA analyysi, ja numerot tarkoittavat kunkin prosentiosuudet varianssi.

Lyhenteet: Estonian (EST), Latvian (LAT), Liettuan (LIT), Seto (SET), Karjalan (KAR), Aunus Karjalan (AUK), Vienan Karjalan (VIK), Tver Karjalan (TVK), vepsän (VEP), Inkerin (ING), Suomi (FIN), Itä-Suomi (FIE), Länsi-Suomi (FIW), Ruotsi (SWE) ja Venäjän (RUS).

	Koko		I1a		N3		R1a1	
	Haploryhmä		Haploryhmä		Haploryhmä		Haploryhmä	
	n	monimuotoisuus den	n	monimuotoisuus den	n	monimuotoisuus den	n	monimuotoisuus den
<b>Virolainen</b>	118	0,998 +/- 0,002	14	0,956 +/- 0,045	40	0,994 +/- 0,008	44	0,992 +/- 0,007
Latvialainen	113	0,992 +/- 0,003	4	NA	47	0,962 +/- 0,013	44	0,994 +/- 0,006
<b>Liettualainen</b>	164	0,990 +/- 0,004	8	1,000 +/- 0,063	72	0,936 +/- 0,020	56	0,990 +/- 0,006
Karjalainen	132	0,966 +/- 0,009	20	0,895 +/- 0,043	70	0,899 +/- 0,030	33	0,936 +/- 0,027
Itä-Suomi	306	0,966 +/- 0,006	58	0,968 +/- 0,011	217	0,934 +/- 0,013	18	0,994 +/- 0,021
<b>Länsi-Suomi</b>	230	0,974 +/- 0,006	91	0,880 +/- 0,030	95	0,960 +/- 0,009	20	0,990 +/- 0,019

## Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta 2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 7 / 24

	Koko		I1a		N3		R1a1	
	Haplotyyppi		Haplotyyppi		Haplotyyppi		Haplotyyppi	
	n	monimuotoisuus den	n	monimuotoisuus den	n	monimuotoisuus den	n	monimuotoisuus den
Ruotsi	160	0,989 +/- 0,003	57	0,939 +/- 0,021	23	0,917 +/- 0,040	39	0,991 +/- 0,008
TMRCAs (KY)	122	-	25	7,7 +/- 1,3	56	8,8 +/- 1,5	25	10,7 +/- 1,4
	3		2		4		4	

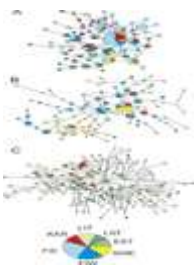
Taulukko 2. haplotyyppi erilaisuudet ja yhtymisen iät yhteensä Y-kromosomitietojen ja suurten haploryhmät

### Y-kromosomi-Haplogroups

Haploryhmä N3 oli paljon yleisempää itäisellä puolella Itämeren kuin Ruotsissa ( $\chi^2 p < 0,001$ ) ( taulukko 1 ).

**Vuonna STR verkkoon ( kuva 3a ) monet haplotypes ovat erittäin spesifisiä joko suomalais-ugrilaisen tai Baltian puhuva väestö, joka tukee SAMOVA analyysin, jossa yhtymä kautta latvialaiset ja liettualaiset vs. muut selittää peräti 20,3 % vaihtelusta.**

**Virolaiset satama sekä Baltian ja suomensukuisten haplotypes, ja heillä oli eniten haplotyyppi monimuotoisuutta ( taulukko 2 ). Ikä Haploryhmä oli 8800 vuotta.**



**Kuvio 3.** Mediaani-liittymällä verkkojen haplotyyppien vaihtelua Y-kromosomi-haploryhmät N3 (A), I1a (B), ja R1a1 (C). Pituudet haarojen vastaavat useita STR mutaatioita, ja koot solmujen ilmi useita näytteitä vastaavan haplotyyppi. Huomaa, että yksittäiseksi haplotyyppi on jätetty N3 verkkoon. Ympyräkaaviossa tarkoittaa osuudet eri populaatioiden koko otoksen sarja Y-kromosomi. Lyhenteille, katso [kuva 2](#) .

**Haploryhmä I1a oli tiheä jopa 40% Ruotsissa ja Länsi-Suomen ja välitaajuuksilla muissa suomalais-ugrilainen väestö, kun se oli lähes poissa keskuudessa latvialaiset ja liettualaiset ( taulukko 1 ).**

Verkossa Suomen ja Ruotsin haplotypes näyttävät olevan erillinen ( [kuvio. 3b](#) ), joka on tuettu SAMOVA analyysin, joka erotti ruotsalaiset / balttien muista kohtuullisella 6,9% vaihtelu näistä ryhmistä. Korkein erot olivat Itä-Suomessa, Baltian maissa ja Ruotsissa ( [taulukko 2](#) ). Ikä Haploryhmä oli 7700 vuotta ( [taulukko 2](#) ).

**Haploryhmä R1a1 oli korkeita taajuuksia jopa 39% kaikkien väestöryhmien lukuun ottamatta suomalaiset** ( [taulukko 1](#) ). Vuonna hyvin STARLIKE verkkoon ( [kuva 3c](#) ), karjalaiset näytteillä rajoitettu monimuotoisuus haplotypes, joka on yhdenmukainen haplotyyppi monimuotoisuuden laskelmat ( [taulukko 2](#) ) ja SAMOVA analyysi, jossa ryhmittely karjalaiset vs. muut selittää 9,0% vaihtelua.

**Ikä Haploryhmä oli peräti 10700 vuotta ( [taulukko 2](#) ).**

Taajuudet muiden haploryhmät olivat alhaisia ja enimmäkseen puuttui vahva alueellinen kuvioita. **R1b oli yleistä Ruotsissa ja Länsi-Suomessa, kun taas I1b oli runsaampaa Baltiassa ja Karjalassa.**

**R1b oli yleistä Ruotsissa ja Länsi-Suomessa, kun taas I1b oli runsaampaa Baltiassa ja Karjalassa.**

## Väestöpohjainen mitokondrioiden DNA Analyysit

**Koko mitokondrion DNA tiedot** on esitetty täydentävä taulukossa 3, ja mtDNA haplogroup taajuudet on esitetty [taulukossa 3](#) . MDS juoni geneettisten etäisyyksien lasketun mtDNA tiedot oli vain yksi rypäs, mutta yksinomaan Karjalan väestö sen toisella puolella, kuvio lähinnä tukee SAMOVA analyysi ( [kuvio. 2b](#) ).

**Keskimääräinen pareittain erot olivat suhteellisen samanlaisia koko väestön hieman pienempi joukossa karjalaiset ja venäläiset ( [taulukko 4](#) ).**

	Aun us										Koko		
	Latvialainen	Liettualainen	Seto	Karjalainen	Karjalainen	Karjalainen	Vepsän	Inkerin	Karjalainen				
										Suomi	Ruotsi	Venäjän	
1.	1 Valitse <a href="#">Finnilä et al. (2001)</a>												
2.	2 Alkaen <a href="#">Malyarchuk &amp; Derenko (2001)</a> ja <a href="#">Loogväli et ai. (2004)</a>												
X	0.9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.3	0,3	4.0
Z	0	0	0	0	0	1.1	0	0	2.6	0.4	2.5	0,3	2.0
A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,3	0
D5	0	0	0	0	2.8	11.5	3.3	0	0	3.5	0	0	0
D	0	0	0	0	0	0	1.6	0	0	0,2	0	0	0
G	0	0.9	0	0	0,5	0	0	0	0	0,2	0	0	0



**Muuttoaalot Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän**

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 9 / 24

	Aun us				Viena		Tver			Koko				
	Virola inen	Latvialai nen	Liettua lainen	Seto	Karjala inen	Karjalain en	Karjalain en	Veps än	Inke rin	Karjala inen	Suomit	Ruotsi	Venäjä <sup>2</sup>	
muut	3.4	1.8	8.6	5.4	1.4	1.1	1.6	10.9	0	2.7	0	3.3	10,0	
H5	1.7	7.9	3.1	0	3.2	0	3.3	0	0	2.3	5.1	1.3	4.0	
H6	6	0	3.1	8.9	0,5	1.1	1.6	3.1	0	1	0	3.9	0	
H	17.9	10.5	17.2	12.5	6.9	11.5	14.8	21.9	7.9	10.2	13.9	8.1	24,0	
H1a	5.1	1.8	3.7	5.4	7.3	12.6	8.2	15.6	5.3	9	0	2.3	0	
H1b	4.3	4.4	5.5	0	3.2	0	3.3	1.6	2.6	2.3	0	1.3	2.0	
H1	2.6	6.1	12.3	12.5	15.6	8	18	14.1	13.2	15	2.5	12.7	6.0	
H1f	0	0	0	0	2.3	4.6	0	0	5.3	2.1	10,1	1	0	
H2a1	2.6	1.8	1.2	3.6	4.1	0	0	0	5.3	2.3	2.5	9.1	0	
H2	0	0.9	0	0	0	0	0	0	5.3	0.4	2.5	2	2.0	
H3	0.9	1.8	0,6	0	2.8	1.1	0	1.6	5.3	2.1	2.5	3.9	0	
I1	1.7	5.3	2.5	0	0,5	0	0	1.6	0	0.4	2.5	0	0	
I	0	0	0	0	3.2	1.1	0	0	0	1.8	1.3	3.3	2.0	
J1	2.6	0	0,6	1.8	0	0	0	0	0	0	0	2.6	0	
J1A	0.9	0.9	0	0	0	0	0	0	0	0	1.3	0,3	0	
J1b1	3.4	0	1.2	1.8	0.9	0	1.6	0	0	0.6	1.3	0,3	0	
J2	0	0	0	0	0	1.1	0	0	0	0.2	0	0,3	0	
J	6.0	4.4	3.1	5.4	3.2	2.3	3.3	4.7	2.6	3.7	2.5	2.3	6.0	
T1	2.6	1.8	3.7	1.8	1.8	1.1	0	0	5.3	1.8	0	2.9	4.0	
T	11.1	7.0	6.7	3.6	0.9	1.1	1.6	1.6	10.5	2.0	2.5	7.2	14,0	
K	0.9	2.6	0,6	1.8	0,5	3.4	3.3	0	0	1.6	2.5	7.5	2.0	
U1	0	0	0	0	5	0	0	0	0	2.1	0	0	0	

**Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän**

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 10 /

24

	Aun us										Koko		
	Virola inen	Latvialai nen	Liettua lainen	Seto	Karjala inen	Karjalain en	Karjalain en	Veps än	Inke rin	Karjala inen	Suomit	Ruotsi	Venäjä <sup>2</sup>
U2	2.6	5.3	0	0	0,5	0	0	1.6	0	0.4	0	0,3	0
U3	0.9	3.5	0,6	0	1.4	0	0	0	0	0,6	0	1.3	0
U4	4.3	8.8	2.5	7.1	3.2	1.1	8.2	0	0	2.7	2.5	2.9	2.0
U5	0	0.9	0	0	0	0	0	0	0	0,2	0	0,7	0
U5A	2.6	4.4	5.5	12.5	2.3	1.1	0	0	5.3	1.6	3.8	4.6	4.0
U5a1	6.8	5.3	3.7	8.9	3.2	0	4.9	1.6	0	2.1	1.3	2	4.0
U5b	2.6	2.6	3.1	1.8	2.3	6.9	3.3	6.3	7.9	4.1	8.9	3.9	0
U5b1b	0.9	0	0	0	8.7	16.1	8.2	9.4	2.6	9.0	5.1	2.0	0
<b>U</b>	0.9	3.5	1.8	3.6	5	6.9	1.6	1.6	2.6	4.1	6.3	3.3	2.0
V	1.7	1.8	6.1	1.8	6.4	4.6	4.9	1.6	5.3	5.5	5.1	1.3	4.0
W	2.6	4.4	3.1	0	0,5	0	3.3	1.6	5.3	1.8	10,1	1.3	2.0
n	117	114	163	56	218	87	61	64	38	512	79	307	50

Taulukko 3.. mitokondrion DNA haplogroup frekvenssi (%) sisällä populaatioiden

	Koko		H		U	
	n	π	n	π	n	π

1. 1 Valitse [Finnilä et al. \(2001\)](#), 2 Alkaen [Malyarchuk & Derenko \(2001\)](#) ja [Loogväli et ai. \(2004\)](#)

Virolainen	117	7,92 +/- 3,71	48	4,03 +/- 2,05	26	7,65 +/- 3,69
Latvialainen	114	7,77 +/- 3,64	40	4,24 +/- 2,15	42	7,01 +/- 3,36
Liettualainen	163	7,48 +/- 3,51	76	3,98 +/- 2,01	29	5,97 +/- 2,93
Seto	56	7,52 +/- 3,56	24	4,74 +/-	20	6,28 +/- 3,11

**Muuttoaalot Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän**

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 11 /

24

	Aun us		Viena	Tver	Koko							
Virola inen	Latvialai nen	Liettua lainen	Seto inen	Karjala inen	Karjalain en	Karjalain en	Veps än	Inke rin	Karjala inen	Suomit	Ruotsi	Venäjän2
						2.40						
Aunuksen Karjalan		218	7,01 +/- 3,30	100		3,69 +/- 1,88		70	5,68 +/- 2,76			
Viena Karjalan		87	7,14 +/- 3,38	34		2,45 +/- 1,36		31	4,55 +/- 2,30			
Tver Karjalan		61	6,37 +/- 3,06	30		2,70 +/- 1,48		18	5,42 +/- 2,74			
Vepsän		64	5,61 +/- 2,73	37		2,88 +/- 1,55		13	3,82 +/- 2,05			
Inkerin		38	6,70 +/- 3,23	19		3,64 +/- 1,93		7	NA			
Yhteensä Karjalan		512	6,72 +/- 3,18	240		3,27 +/- 1,69		146	5,32 +/- 2,58			
Suomi 1		79	7,45 +/- 3,52	31		4,38 +/- 2,22		43	6,44 +/- 3,11			
Ruotsi		307	7,03 +/- 3,31	140		4,07 +/- 2,04		87	6,11 +/- 2,93			
Venäjän 2		50	6,12 +/- 2,96	19		2,90 +/- 1,59		7	NA			
<b>TMRCA (KY)</b>		<b>1399</b>		<b>618</b>		<b>36,7 +/- 5,6</b>		<b>400</b>	<b>68,4 +/- 13,4</b>			

Taulukko 4. keskiarvo pareittain erot ( $\pi$ ) ja yhtymisen iät yhteensä mtDNA tiedot ja tärkeimmät haplogroups.

## Mitokondrio-DNA Haplogroups

Haploryhmä H oli hyvin yleistä kaikissa väestön, mutta merkittävää vaihtelua subhaplogroup taajuuksilla

( [taulukko 3](#) ). H1 \* oli yleistä karjalaiset, ruotsalaiset, ja jotkut Baltian väestön joiden taajuus on alle 18%, ja

## Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta 2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15 (tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 12 /

24

harvinaisia erityisesti Suomessa ja Virossa, kun taas H1f oli hyvin erityinen suomalaisten ja karjalaisten. H3 oli suhteellisen harvinaista, taajuuksilla muutaman prosentin. Keskimääräinen pareittain erot taas laskivat joukossa karjalaisten ja venäläisten ja yllättäen korkein Seto ( [taulukko 4](#) ). Alhainen monimuotoisuus Haploryhmä H keskuudessa karjalaisten voidaan havaita myös haplotyyppi verkkoon ( [Kuva 4a](#) ): verrattuna esim. balttien, paljon suurempi osuus Karjalan haplotypes ovat korkean taajuuden liikennemuotojen haplotypes. Mediaani-liittymällä verkosto Haploryhmä H koostuu erittäin STARLIKE klustereita, ja haplotyyppit yleensä joko erittäin tai hyvin matalia taajuuksia. Erot subhaplogroup taajuudet ovat selvästi nähtävissä verkossa esimerkiksi, kun kyseessä on abundancy H2 joukossa ruotsalaiset. Yhtyminen ikä Haploryhmä H meidän aineisto oli 36700 vuotta ( [taulukko 4](#) ).



**Kuvio 4.** Mediaani-liittymällä verkkojen haplotyyppin vaihtelu mitochondrial DNA haploryhmät H (A) ja U (B). Pituudet haarojen vastaavat useita mutaatioita, ja koot solmujen ilmi useita näytteitä vastaavan haplotyyppi. HVS1 mutaatiokohtia annetaan -16 000 ja koodausalue polymorfiat alleviivattu. Emäkset ovat ainoastaan sivustoja, joissa on enemmän kuin kaksi alleelia, sillä toiset, katso täydentävä taulukko 3. Huomaa, että kannan 16519 ei sisälly verkkoon. Ympyräkaaviossa tarkoittaa osuudet eri populaatioiden koko otoksen joukko mtDNA. Lyhenteille, katso [kuva 2](#) .

**U subhaplogroups, U4 oli yleisintä latvialaiset, Seto, ja Tverin karjalaiset (7,1-8,8%) ( [taulukko 3](#) ). U5b ja U5b1b1 olivat yleisiä Karjalassa ja etenkin Vienan karjalaisten jossa U5b1b1 saavuttanut korkean taajuuden 16,1%.** Virolaiset olivat eniten keskiarvo pairwise eroja ( [taulukko 4](#) ). Haploryhmä U oli verkon joidenkin STARLIKE klustereita, liian, mutta vähemmässä määrin kuin haploryhmä H ( [kuvio. 4b](#) ), ja erityisesti subhaplogroups U5b \*, U5b1b1 ja K oli hyvin yleinen liikennemuotojen haplotypes, kun taas vaihtelu U5A on hajallaan osaksi haplotypes kohtalainen taajuus. SAMOVA analyysi erotettiin Seto ja vepsäläisten kanssa pieni näyte koot pääryhmän. **Yhtyminen ikä oli peräti 68400 vuotta ( [taulukko 4](#) ).**

Haploryhmä Z havaittiin suomalaisten keskuudessa, jotkut Karjalan väestö, venäläiset ja ruotsalaiset, joilla on alhainen taajuus. Aasian haplogroups, C, G ja D olivat harvinaisia Itämeren alueella lukuun ottamatta D5, joka saavutti korkean taajuuden 11,5% Vienan Karjalassa ( [taulukko 3](#) ).

## Keskustelu

Tämän tutkimuksen tarkoituksena oli selvittää isän ja äidin väestön historia Itämeren alueella, sekä vaellukset vaikuttavat alueen ulkopuolelta ja sisäiset väestöryhmien tapahtumia. Jolloin saadaan maksimi resoluutio laaja aineisto, päätimme yhdistää väestöön perustuvia analyysseja alueellisten analyysi phylogeography suurimmista haplogroups. Haplotyyppi monimuotoisuutta, iän ja verkko laskelmat ovat tavanomaisia työkaluja phylogeographic analyysi suvusta, mutta ongelma verkon analyysi on, että menetelmä itsessään ei suorita kvantifiointi ja tilastollisen testauksen trendejä yksi voi intuitiivisesti havaita. Tätä varten haimme SAMOVA myös analyysi haplogroups. Yhdessä, nämä analyysit saatiin käsitys historian tärkein haploryhmät alueen, joka saa paremman tulkinta Haploryhmä taajuus kuvioita koko tutkittu alue.

## Y-kromosomi-Haplogroups

**Frekvenssijakaumaa ja ikä Haploryhmä N3** tutkimuksessamme näyte oli sopusoinnussa aikaisempien tutkimusten ( [Lahermo et al. 1999](#) , [Zerjal et ai. 2001](#) , [Tambets et al. 2004](#) , [Karlsson et al. 2006](#) , [Rootsi et ai. 2007](#) ).

Mukaan YHRD tietokantaan, haplotyyppit eniten Suomessa ja Karjalassa olivat suhteellisen ainutlaatuinen, mikä ei ole odottamatonta, koska tiedot useimmista Euraasian väestöryhmissä, joissa N3 on yleinen ei ole julkisesti saatavilla.

**Vaikuttaa ilmeiseltä, että suomalaisten ja karjalaisten jakaa historian suhteen haplogroup N3.**

Tietokannasta vertailuissa havaittiin myös, että N3 voi merkitä länteen diffuusio pohjoiseen Suomen Ruotsiin ja etelässä Baltiasta Puolaan ja Saksaan.

On ehdotettu ( [Zerjal et al. 2001](#) , [Roewer et al. 2005](#) ), että erot haplotyyppi rakenteen Baltic-speaking latvialaiset ja liettualaiset ja suomalais-ugrilaisten väestön havaittu myös meidän N3 tietoja, merkitse, että vaellukset käyttöön N3 alueelle seurasi bifurcating kuvio, joka ehkäisee ajatus kielen kytkimen keskuudessa latvialaiset ja liettualaiset ( [Laitinen et al. 2002](#) ).

Toinen tekijä ohjeeseen geneettinen vaihtelu voi olla eroavaisuuksia kielellisesti eristettyinä toisistaan Itämeren ja suomensukuisten kieliä.

Tällainen prosessi vaikuttaisi kaikkiin haplogroups, joka ei tue geneettinen

Muuttoaallot Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

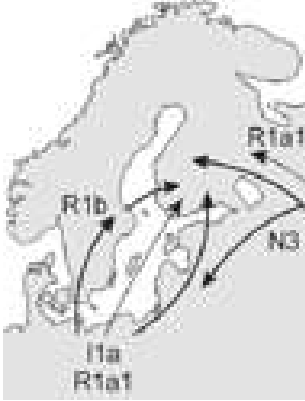
sivut 14 /

24

**etäisyydet lasketun Y-kromosomi-data set - vahva eroavaisuuksia Itämeren kaiuttimet on ainakin osittain spesifisiä N3.**

**Perustaja vaikutus joukossa Baltian väestö ei ole mitään parempaa selitystä, koska väliset erot Itämeren kaiuttimet ei ole vähentynyt.**

**Niinpä meidän tiedot kannattaa ajatusta kahden vaellukset, joka esitteli N3 Itämeren alueella ( Kuva. 5 ). Haplotyyppi vaihtelu Virossa ehdottaa sekoittumisesta Baltian ja suomalais-ugrialaisten haplotypes. Lisäksi bifurcating muuttoliike malli voi osaltaan suhteellisen korkea ikä Haploryhmä Itämeren alueella, sillä yhtymisen ikä edustaa yhteinen juuri koko vaihtelu alueella.**



**Kuva 5.** Ehdotetut saapumista reittejä tärkeimmistä Y-kromosomi-haplogroups Baltian alueella, jossa Katkoviivanuolet ilmaiseva vähemmän tietyillä reiteillä.

**Haploryhmä I1a ehdotetaan juurensa Iberian Refugium, josta se levisi pohjoiseen ja nyt on sen korkein taajuudet Pohjois-Euroopassa ( Ruotsi et al. 2004 ).** Haplotyyppi otellut

Saksaan ja Puolaan tarkoita, että I1a on saapunut Pohjoismaihin eteläisen Itämeren alueella, joka on historiallisesti uskottava. Coalescense ikä Haploryhmä on noin 5000 vuotta alempi kuin ikä aikaisintaan arkeologisia löytöjä pohjoisen Itämeren alueella, mikä viittaa neoliittinen saapumista.

**On olemassa kaksi mahdollista muuttoreittien Keski-Euroopasta pohjoisen Itämeren alueella: yksinomaisen läntisen reitin Ruotsin kautta, itäinen reitti kautta Baltian kautta tai sekä Itä-Suomen ja Karjalan ( kuvio. 5 ).**

Yllättävän suuri monimuotoisuus I1a joukossa Itä-Suomen ja Baltian maiden väestön ja puute yhdistyksen välillä Länsi suomalaisten ja ruotsalaisten SAMOVA tarkastelunsa perusteella, että I1a on ollut mukana bifurcating vaellukset sekä Ruotsin kautta ja Baltian maissa, ja että läsnäolo ja **Haploryhmä Suomessa ja Karjalassa ei ole pelkästään johtuu Ruotsin**

**vaikutusvaltaa**. Matalin taajuus I1a joukossa Baltian väestön voi johtua myöhemmin vaikutuksia geneettinen poikkeama tai korvaaminen.

### **Haploryhmä R1a1 tiedetään olevan yleisintä Itä-Euroopassa, ja se on mahdollisesti laajentanut rinnalla Kurgan kulttuurin ja / tai Indo-eurooppalaista kieltä ( [Semino et al. 2000](#) )**

Baltian ja Ruotsin haplotypes oli yhtäläisyyksiä pääasiassa Saksassa ja Puolassa tietokannassa vertailuja, mikä viittaa geenivirtaa että alueen Länsi- ja Itä rannikoilla Itämerellä. On todennäköistä, että molemmat R1a1 ja I1a kuljetettiin Itämeren alueen kautta sama kivilaudelta vaellukset Saksasta / Puolasta. Korkeampi yhtymisen iän ja STARLIKE verkoston rakennetta R1a1 ovat yhdenmukaisia todennäköinen suurempi monimuotoisuus ja taajuus R1a1 alkuperäisessä lähde väestöstä (s), seuraus laajempaa maantieteellistä jakautumista haplogroup. Se on tärkeä havainto, että Itämeren alueen R1a1 liittyy lähinnä Keski-Euroopan sijaan pohjoinen tai Venäjän vaikutusvallan. Kuitenkin Haplotyyppifrekvenssianalyysi vertailut ( [Derenko et al. 2006](#) , [Willuweit & Roewer 2007](#) ) antaa viitteitä Venäjän geenivirran osittaisena lähteenä R1a1 Karjalassa, joka olisi uskottava antanut pitkään seoksena slaavit ( [Kuva. 5](#) ) . Kuitenkin Y-kromosomi-monimuotoisuus Karjalassa on voimakkaasti vaikuttanut drift ja perustaja vaikutuksia. Toinen Haploryhmä Itä affiniteetti on I1b ( [Rootsi et al. 2004](#) ), jonka läsnäolo Karjalassa ja Baltiassa on luultavasti merkki Venäjän geenivirran.

Haploryhmä R1b, yleisin Haploryhmä Länsi-Euroopassa ( [Rosser et al. 2000](#) , [Semino et al. 2000](#) ), oli melko harvinaista pohjoisen Itämeren alueella, joka, lukuun ottamatta Ruotsin, osoittaa puute äskettäin Länsi-Euroopan vaikutteet . R1b on ehdotettu omaa alkuperänsä Iberian refugia ( [Semino et al. 2000](#) ) samalla tavalla kuin I1a ( [Rootsi et al. 2004](#) ), mutta niiden esiintyvyys jakelu pistettä hyvin erilainen historia R1b ja I1a ainakin Pohjois-Euroopassa.

### **Mitokondrio-DNA Haplogroups**

Spesifisyys H1f varten Suomen väestöstä on liittynyt ryömintä Suomi ( [Loogväli et al. 2004](#) ), jota tukevat alhainen määrä korkean taajuuden haplotypes verkossa. Sen runsaasti myös Aunuksen ja Vienan Karjalan ja Inkerin tarjoaa vahvan tuen läheiset historialliset siteet suomalaisten ja karjalaisten. Tiheä haplogroup H2 keskuudessa ruotsalaiset voi johtua näytteenotto harha tai paikallisten geneettinen ajautuminen, koska suurin osa Ruotsin H2 näytteet kuuluvat yhteen haplotype.

Haplogroups H1, H3, U5b ja V on yhdistetty laajennusta Iberian refugia jääkauden jälkeen ( [Torrioni et al. 1998, 2006](#) , [Achilli et al. 2004, 2005](#) ). Mielenkiintoista, H1 ja U5b on taajuuspiikit Pohjois-Euroopan lisäksi Iberian niemimaalla, ja meidän Karjalan näyte oli jopa suurempi H1 taajuus kuin baskien ( [Achilli et al. 2004, 2005](#) , [Torrioni et](#)

[al. 2006](#) ). Ehdotamme kolme mahdollista skenaariota selittää tätä mallia. Ensinnäkin se on mahdollista, mutta epätodennäköistä, että geneettinen ajautuminen on jatkuvasti parantunut taajuudet näiden haplogroups kotona koko Pohjois-Euroopassa, vaikka se luultavasti on osaltaan taajuuspiikit joukossa karjalaisia. Toinen selitys korkeat taajuudet olisivat muuttoliike Etelä- ja Pohjois-Euroopassa, mahdollisesti Atlantin ja Itämeren rannikoiden, mutta arkeologisia todisteita tähän on rajoitettu. Kolmas vaihtoehto skenaario olisi aluksi suuri H1 ja U5b taajuuksien kokonaisuudessaan Eurooppaa olivat osittain korvata muilla haplogroups Keski-Euroopassa, koska jälkeinen muutto, että ei vaikuttanut pohjoiseen ja lounaaseen. Meidän mielestä tämä on historiallisesti ja geneettisesti uskottavalta, mutta lisätutkimuksia tarvitaan analysoida yksityiskohtaisesti. Haplogroups H3 ja V, vaikka niiden vastaavia alkuperä Iberian refugia, älä seuraa samalla taajuudella kaavaa kuin H1 ja U5b, koska niiden taajuudet Itämeren alueella ovat juuri lainkaan korkeampi kuin Keski-Euroopassa. Kuitenkin matalia taajuuksia näiden haploryhmät kaikkialla Euroopassa tehdä luotettavia vertailuja vaikeaa, ja vaikka on näyttöä samanlainen historiallinen järjestelmä, ne ovat edelleen erillisiä haploryhmät kanssa mahdollisesti erilainen historia.

Haploryhmä U on ikivanha eurooppalainen Haploryhmä kanssa iän yhtä suuri kuin 55000 vuotta ( [Richards ym.. 2000](#) ), ja se oli hyvin vanha coalescence ikään myös analyysissä. U5b1b1, niin sanottu "saamelaisten motiivi", oli hyvin yleinen keskuudessa Karjalan väestön erityisesti Vienan, joka yhdessä tiheä D5 ja läsnäolo Z, on selvä merkki jaetun väestön historiaa saamelaisten ja karjalaisten ( [Ingman & Gyllensten 2006](#) ). Tämä tukee myös arkeologisia todisteita, koska monet esihistoriallisia kulttuurierikoisuuksista saamelaisten ovat saapuneet idästä Via Karelia.

Itä-elementtejä mtDNA vaihtelu Itämeren alueen kietoutuvat saamelaisten vaikutusvaltaa. Viimeaikaiset tutkimukset mtDNA vaihtelua Saamen osoittavat linkki Volgan-Uralin alueen ( [Tambets et al. 2004](#) , [Ingman & Gyllensten 2006](#) ), joka on nyt osoitettu olevan olemassa myös yksi karjalaisten ja, vähemmässä määrin, joukossa muut populaatiot Itämeren alueella samoin. Lisäksi läsnäolo U4 itäisen Itämeren populaatiot voivat edustaa Itä vaikutusvaltaa, koska se on tyypillistä Volgan-Uralin alueen ( [Bermisheva et al. 2002](#) ). Suuri monimuotoisuus tämän Haploryhmä Itämeren alueella, havaittavissa haplotyyppi verkkoon, ehdottaa monimutkainen historia, ja säännöt geneettinen ajautuminen ulos syy korkealla taajuudella. Kaiken kaikkiaan nämä mtDNA haploryhmät voi olla äidin heijastuksia Itä vaikutus, joka voidaan selkeimmin havaittavissa Y-kromosomi-haploryhmä N3.



## Väestöpohjainen Y-kromosomi- ja mtDNA Analyysit

Geneettiset etäisyydet populaatiot ovat mukaiset kielelliset ja maantieteelliset rajat tutkimuksessamme ja myös aikaisempien määritysten ( [Zerjale et al. 2001](#) ) koskien läheisyydessä Baltian maissa, ja ne toimivat läheisessä yhteydessä Suomen ja Karjalan. Sekoittumisen analyysi virolaisista tukee tärkeää maantieteellinen sijainti verrattuna kieltä määritettäessä geneettistä vaihtelua. Suomen Y-kromosomi-vaihtelu on vaikuttanut drift, ja ryhmittely suomalaisten isän MDS juoni korostaa niiden kaksoiskuljetus väestörakenne ( [Kittles et al. 1998, 1999](#) , [Lahermo et al. 1999](#) , [Lappalainen et al. 2006](#) ).

**Karjalaiset jakavat alhainen monimuotoisuuden suomalaiset myös äidin puolella, erityisesti Vianan karjalaisten, eristetään niiden pohjoisen maantieteellisen sijainnin, ja Tverin karjalaiset joukossa perustaja vaikutus on todennäköisesti tapahtunut.**

Moninaiset balttien ja ruotsalaisten olivat mukaisesti yhteisiä eurooppalaisia arvoja, ja omiin vähemmän eristetty maantieteellinen asema ja todennäköisesti vakaampi väkilukuun.

## Päätelmät

Populaatiot Itämeren alueen on vahvin juuret Keski-Euroopassa, joka on yhteensopiva arkeologisia tietoa saapumisesta ensimmäiset asukkaat ja useat myöhemmin Esihistoriallisen kulttuureissa.

**Lisäksi väestöä itäpuolella Itämeren alueen kuljettaa merkkejä vaellukset juurtunut idässä, jotka voivat liittyä suomalais-ugrilaisten kielten ja / tai Comb Keraamiset kulttuuria.**

Vähäisempää paikallisia lisäaineet muiden populaatioiden saamelaisten vaikutusvaltaa etenkin karjalaisten, venäläisten sekoittumisen joukossa ja balttien, ja Keski-Euroopan vaikutus Ruotsissa.

**Mielenkiintoinen ilmiö meidän data on vahvistanut on yhteisiä piirteitä Iberian niemimaan ja Pohjois-Euroopassa, nähtävissä etenkin mtDNA vaihtelua, ja toivomme, että tulevaisuudessa tutkimus valottaa sen aiheuttaa.**

**Lisäksi useat Y-kromosomi- ja mtDNA haplogroups Itämeren alueella ovat Paleolithic alkuperää Euroopassa.** Tämä on sopusoinnussa aikaisempien havaintojen kanssa ( [Richards ym.. 2000](#) ) ehdottaa säilyttäminen tai jopa rikastuminen jälkiä vanhimmista eurooppalainen ratkaisu Pohjois kehällä mantereella.

## Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 18 /

24

Kaiken kaikkiaan tämä tutkimus myös vahvaa näyttöä siitä, että Itämeri on ollut reitti paitsi kaupan ja kulttuurivaihdon lisäksi myös väestön muuttoliike.

## Kiitokset

Tutkimus tukee taloudellisesti Emil Aaltosen Säätiö, Suomen Kulttuurirahasto ja tiedesäätiö Helsingin yliopisto. Suomen genomikeskus edellyttäen genotyypin alustoja yksöiden ja SNP mukaan Sequenom ®. Kiitämme Pertti Sistonen, Tuula Koski ja Richard Villems tarjota näytteitä, ja Ella Granö tekniseen tukeen. Lopuksi haluaisimme ilmaista kiitollisuutemme näytteen luovuttajien osuus.

## Viitteet

- Achilli, A. , Rengo, C. , Battaglia, V. , Pala, M. , Olivieri, A. , Fornarino, S. , Magri, C. , Scozzari, R. , Babudri, N. , Santachiara-Benerecetti, AS, liittyy yhteen, HJ , Semino, O. , Torrioni, A. ( 2005 ) saamen kielen ja berbereitä-odottamaton mitokondrion DNA-linkkiä . *Am. J. Hum. Genet.* **76** , 883 - 6 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 87](#)
- Achilli, A. , Rengo, C. , Magria, C. , Battaglia, V. , Olivieri, A. , Scozzari, R. , Cruciani, F. , Zeviani, M. , Briem, E. , Carelli, V. , Moraalinen, P. ,Dugoujon, JM , Roostalu, U. , Loogväli, EL , Kivisild, T. , liittyy yhteen, HJ , Richards, M. , Villems, R. , Santachiara-Benerecetti, AS ,Semino, O. , Torrioni, A. ( 2004 ) molekyyli leikkelyn mtDNA haploryhmä H vahvistaa, että ranskalais-Kantabrian hyinen turvapaikan oli merkittävin lähde Euroopan geenipooliin . *Am. J. Hum. Genet.* **75** , 910 - 8 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 139](#)
- Alenius, K. ( 2000 ) *Viron, Latvian Ja Liettuan historia (Historia Viro, Latvia ja Liettua)* . Jyväskylä, Atena.
- Liittyy yhteen, H.-J. , Forster, P. , Röhl, A. ( 1999 ) Mediaani-liittymällä verkkojen inferring intraspecific phylogenies . *Mol. Biol. Evol.* **16** , 37 -48 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 977](#)
- Liittyy yhteen, H.-J. , Forster, P. , Sykes, BC , Richards, MB ( 1995 ) mitokondrio muotokuvia väestössä . *Genetics* **141** , 743 - 753 .
  - [PubMed](#) ,

## Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 19 /

24

- [CAS](#) ,
- [Web of Science @ Yleisistä: 461](#)
- Bermisheva, M. , Tambets, K. , VILLEMS, R. , Khusnutdinova, E. ( 2002 ) moninaisuuden mitokondrion DNA haplotyypeillä etnisestä ryhmästä Volgan-Uralin alueella Venäjällä . *Mol. Biol. (Mosk.)* **36** , 990 - 1001 .
- [PubMed](#) ,
- [CAS](#)
- Bosch, E. , Calafell, F. , Santos, FR , Perez-Lezaun, A. , Comas, D. , Benchemsi, N. , Tyler-Smith, C. , Bertranpetit, J. ( 1999 ) vaihtelu lyhyellä tandemtoistoja on syvästi jäsennelly geneettinen tausta on ihmisen Y-kromosomi . *Am. J. Hum. Genet.* **65** , 1623 - 38 .
- [CrossRef](#) ,
- [PubMed](#) ,
- [CAS](#) ,
- [Web of Science @ Yleisistä: 72](#)
- Derenko, M. , Malyarchuk, B. , Denisova, GA , Wozniak, M. , Dambueva, I. , Dorzhu, C. , Luzina, F. , Miscicka-Sliwka, D. , Zakharov, I. ( 2006) Kontrastivärisessä kuvioit Y-kromosomin vaihtelu Etelä-Siperian väestöä Baikal ja Altai-Sayan alueilla . *Hum. Genet.* **118** , 591 - 604 .
- [CrossRef](#) ,
- [PubMed](#) ,
- [Web of Science @ Times toimet: 14](#)
- Dupanloup, I. & Bertorelle, G. ( 2001 ) päättelyminen sekoittumisen mittasuhteet molekyyli-tuntemerkkien: laajentaminen niin moneen vanhempien väestön . *Mol. Biol. Evol.* **18** , 672 - 675 .
- [CrossRef](#) ,
- [PubMed](#) ,
- [CAS](#) ,
- [Web of Science @ Yleisistä: 67](#)
- Dupanloup, I. , Schneider, S. , Excoffier, L. ( 2002 ) simuloitu jäähditys lähestymistapa määritellä geneettisen rakenteen populaatioiden . *Mol. Ecol.* **11** , 2571 - 81 .

Suora linkki:

- [Abstrakti](#)
- [Koko artikkeli \(HTML\)](#)
- [PDF \(347K\)](#)
- [Viitteet](#)
- [Web of Science @ Yleisistä: 253](#)
- Finniä, S. , Lehtonen, MS , Majamaa, K. ( 2001 ) Fylogeneettinen verkosto Euroopan mtDNA . *Am. J. Hum. Genet.* **68** , 1475 - 84 .
- [CrossRef](#) ,
- [PubMed](#) ,
- [CAS](#) ,
- [Web of Science @ Yleisistä: 200](#)

## Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 20 /

24

- Forster, P. , Harding, R. , Torroni, A. , liittyy yhteen, HJ ( 1996 ) Alkuperä ja kehitys intiaani mtDNA vaihtelua: uudelleenarviointiin . *Am. J. Hum. Genet.* **59** , 935 - 45 .
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 311](#)
- Huurre, M. ( +1.990 ) *9000 VUOTTA Suomen esihistoriaa (9000 vuotta on Suomen esihistoria)* . Keuruu, Otava.
- Ingman, M. & Gyllensten, U. ( 2006 ) Viime geneettinen yhteys Sami ja Volgan-Uralin alueella Venäjällä . *Eur. J. Hum. Genet.* **15** , 115 - 20 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Times toimet: 3](#)
- Karlsson, AO , Wallerstrom, T. , Gotherstrom, A. , Holmlund, G. ( 2006 ) Y-kromosomien diversiteetti Ruotsissa - pitkällä aikajänteellä . *Eur.J. Hum. Genet.* **14** , 963 - 70 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Times toimet: 14](#)
- Kittles, RA , Bergen, AW , Urbanek, M. , Virkkunen, M. , Linnoila, M. , Goldman, D. , Long, JC ( 1999 ) Autosomaalinen, mitokondrioiden ja Y-kromosomi DNA vaihtelu Suomessa: näyttöä mies -pullonkaulatilanteita . *Am. J. Phys. Ihmisenmuotoinen.* **108** , 381 - 99 .

Suora linkki:

- [Abstrakti](#)
- [PDF \(164k\)](#)
- [Viitteet](#)
- [Web of Science @ Yleisistä: 56](#)

- Kittles, RA , Perola, M. , Peltonen, L. , Bergen, AW , Aragon, RA , Virkkunen, M. , Linnoila, M. , Goldman, D. , Long, JC ( 1998 ) Dual alkuperä suomalaisista paljasti Y kromosomin haplotyyppi vaihtelua . *Am. J. Hum. Genet.* **62** , 1171 - 9 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 117](#)
- Kivisild, T. , Tolk, HV , Parik, J. , Wang, Y. , Papiha, SS , liittyy yhteen, HJ , Villems, R ( 2002 ) syntymässä raajat ja oksat Itä-Aasian mtDNA puu . *Mol. Biol. Evol.* **19** , 1737 - 51 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 164](#)

## Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 21 /

24

- Lahermo, P. , Savontaus, ML , Sistonen, P. , Beres, J. , De Knijff, P. , Aula, P. , Sajantila, A. ( 1999 ) Y kromosomi-polymorfismeja paljastaa perustajajäsen suvusta vuonna suomalaiset ja saamelaiset . *eur. J. Hum. Genet.* **7** , 447 - 58. .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 38](#)
- Laitinen, V. , Lahermo, P. , Sistonen, P. , Savontaus, ML ( 2002 ) Y-kromosomi-monimuotoisuus viittaa siihen, että Baltian miehet jakavat yhteiset suomalais-ugrialaisten puhuvia esi-isät . *Hum. Hered.* **53** , 68 - 78. .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 16](#)
- Lappalainen, T. , Koivumäki, S. , Salmela, E. , Huoponen, K. , Sistonen, P. , Savontaus, ML , Lahermo, P. ( 2006 ) Alueelliset erot suomalaisten keskuudessa: Y-kromosomi-näkökulmasta . *Gene* **19** , 207 - 15 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 25](#)
- Loogväli, EL , Roostalu, U. , Malyarchuk, BA , Derenko, MV , Kivisild, T. , Metspalu, E. , Tambets, K. , Reidla, M. , Tolk, HV , Parik, J. , Pennarun, E. , Laos, S. , Lunkina, A. , Golubenko, M. , Barac, L. , Pericic, M. , Balanovsky, OP , Gusar, V. , Khusnutdinova, EK , Stepanov, V. , Puzyrev, V. , Rudan , P. , Balanovska, EV , Grechanina, E. , Richard, C. , Moisan, JP , Chaventre, A. , Anagnou, NP , pappa, KI , Michalodimitrakis, EN , Claustres, M. , Golge, M. , Mikerezi, I. , Usanga, E. , Villems, R. ( 2004 ) Disuniting tasaisuus: pied cladistic kankaalle mtDNA haploryhmä H Euraasiassa . *Mol. Biol. Evol.* **21** , 2012 - 21 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 58](#)
- Macaulay, V. , Richards, M. , Hickey, E. , Vega, E. , Cruciani, F. , Guida, V. , Scozzari, R. , Bonne-Tamir, B. , Sykes, B. , Torroni, . ( 1999 ) syntymässä puu West Euraasian mtDNAs: synteesi valvonta-alueen sekvenssit ja RFLP . *Am. J. Hum. Genet.* **64** , 232 - 49 .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 343](#)
- Malyarchuk, BA , Derenko, MV ( 2001 ) mitokondrio-DNA vaihtelua venäläisiä ja ukrainalaisia, implisiittisesti alkuperä Itä slaavit . *Ann. Hum. Genet.* **65** , 63 - 78. .

Suora linkki:

- [Abstrakti](#)

## Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 22 /

24

- [PDF \(447K\)](#)
  - [Web of Science @ Yleisistä: 39](#)
    - Meyer, S. , Weiss, G. , Von Haeseler, A. ( 1999 ) Pattern nukleotidisubstituutiosta ja korko heterogeisuus hypervariaabelialueet I ja II ihmisen mtDNA . *Genetics* **152** , 1103 - 10 .
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 133](#)
  - Nei, M. ( 1987 ) *Molecular Evoluutiogenetiikan*. New York, Columbia University Press.
  - R Development Core Team ( 2005 ). *R: kieli ja ympäristö Tilastollinen tietojenkäsittely* . R Foundation for Tilastollinen tietojenkäsittely, Wien, Itävalta. <http://www.R-project.org> .
  - [Web of Science @](#)
  - Richards, M. , Macaulay, V. , Hickey, E. , Vega, E. , Sykes, B. , Guida, V. , Rengo, C. , Sellitto, D. , Cruciani, F. , Kivisild, T. , Villems, R. , Thomas, M. , Rychkov, S. , Rychkov, O. , Rychkov, Y. , Golge, M. , Dimitrov, D. , Hill, E. , Bradley, D. , Romano, V. , Cali, F. , Vona, G. , Demaine, A. , Papiha, S. , Triantaphyllidis, C. , Stefanescu, G. , Hatina, J. , Belledi, M. , Di Rienzo, A. , Novelletto, A. , Oppenheim, A. , Norby, S. , Al-Zaheri, N. , Santachiara-Benerecetti, S. , Scozari, R. , Torroni, A. , liittyy yhteen, HJ ( 2000 ) jäljitys Euroopan perustaja suvusta Lähi-idän mtDNA allas . *Am. J. Hum. Genet.* **67** , 1251 - 76 .
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 388](#)
  - Richards, MB , Macaulay, VA , liittyy yhteen, HJ , Sykes, BC ( 1998 ) Phylogeography mitokondrion DNA Länsi-Euroopassa . *Ann. Hum. Genet.* **62** , 241 - 60 .
- Suora linkki:
- [Abstrakti](#)
  - [PDF \(3303K\)](#)
  - [Web of Science @ Yleisistä: 185](#)
    - Roewer, L. , Croucher, PJ , Willuweit, S. , Lu, TT , Kayser, M. , Lessigin, R. , De Knijff, P. , Jobling, MA , Tyler-Smith, C. , Krawczak, M. (2005) allekirjoitus Lähistoriallisiin tapahtumaa eurooppalaisten Y-kromosomi-STR haplotype jakeluun . *Hum. Genet.* **116** , 279 - 91 , .
  - [CrossRef](#) ,
  - [PubMed](#) ,
  - [CAS](#) ,
  - [Web of Science @ Yleisistä: 52](#)
  - Rootsi, S. , Magri, C. , Kivisild, T. , Benuzzi, G. , Help, H. , Bermisheva, M. , Kutuev, I. , Barac, L. , Pericic, M. , Balanovsky, O. , Pshenichnov, A. , Dion, D. , Grobei, M. , Zhivotovsky, LA , Battaglia, V. , Achilli, A. , Al-Zahery, N. , Parik, J. , kuningas, R. , Cinnioglu, C. , Khusnutdinova, E. , Rudan, P. , Balanovska, E. , Scheffrahn, W , Simonescu, M. , Brehm, A. , Goncalves, R. , Rosa, A. , Moisan, JP , Chaventre, A. , Ferak , V. , Furedi, S. , Oefner, PJ , Shen, P. , Beckman, L. , Mikerezi, I. , Terzic, R. , Primorac, D. , Cambon-Thomsen, A. , Krumina, A. , Torroni,

## Muuttoaalto Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 23 /

24

A. , Salainen, PA , Santachiara-Benerecetti, AS , Villems, R. , Semino, O. ( 2004 ) Phylogeography Y-kromosomin haploryhmä I paljastaa erillisiä aloja esihistoriallisia geenivirran Euroopassa . *Am. J. Hum. Genet.* **75** , 128 - 37 .

○ [CrossRef](#) ,

○ [PubMed](#) ,

○ [CAS](#) ,

○ [Web of Science @ Yleisistä: 71](#)

- Rootsi, S. , Zhivotovsky, LA , Baldovic, M. , Kayser, M. , Kutuev, IA , Khusainova, R. , Bermisheva, MA , Gubina, M. , Fedorova, SA , Ilumae, AM , Khusnutdinova, EK , Voevoda , MI , Osipova, LP , Stoneking, M. , Lin, AA , Ferak, V. , Parik, J. , Kivisild, T. , Salainen, PA , Villems, R. ( 2007 ) vastapäivään pohjoisen reitin Y-kromosomi haploryhmä N Kaakkois-Aasiasta kohti Eurooppaa . *Eur. J. Hum. Genet* **15** , 204 -11 .

○ [CrossRef](#) ,

○ [PubMed](#) ,

○ [CAS](#) ,

○ [Web of Science @ Yleisistä: 18](#)

- Rosser, ZH , Zerjal, T. , Hurles, ME , Adojaan, M. , Alavantic, D. , Amorim, A. , Amos, W. *et al.* ( 2000 ) Y-kromosomi-monimuotoisuutta Euroopassa on kotkata ja vaikutti ensisijaisesti maantiede, eikä kieltä . *Am. J. Hum. Genet.* **67** , 1526 - 43 .

○ [CrossRef](#) ,

○ [PubMed](#) ,

○ [CAS](#) ,

○ [Web of Science @ Yleisistä: 275](#)

- Schneider S. , Roessli, D. , Excoffier, L. ( 2000 ) Arlequin: ohjelmisto populaatiogenetiikan tietojen analysointia. Ver 2.000. Genetiikan ja biometrian Lab, Dept antropologian , Geneven yliopistossa.

- Semino, O. , Passarino, G. , Oefner, PJ , Lin, AA , Arbuzova, S. , Beckman, LE , De Benedictis, G. , Francalacci, P. , Kouvatsi, A. ,Limborska, S. , Marcikiae, M. , Mika, A. , Mika, B. , Primorac, D. , Santachiara-Benerecetti, AS , Cavalli-Sforza, LL , Salainen, PA ( 2000 )geneettinen perintö Paleolithic Homo sapiens sapiens säilynyt eurooppalaista: Y kromosomi näkökulmasta . *Science* **10** , 1155 - 9 .

○ [CrossRef](#) ,

○ [Web of Science @ Yleisistä: 351](#) ,

○ [ADS](#)

- Siiriäinen, A. ( 2003 ) Stone ja pronssi Ages , vuonna Helle, K. , Jansson, T. (toim.), *Cambridge History of Scandinavia* . Cambridge, Cambridge University Press.

- Slatkin, M ( 1995 ) Populaation osa-alue perustuu mikrosatelliitti alleelifrekvenssien . *Genetics* **139** , 457 - 62 .

○ [PubMed](#) ,

○ [CAS](#) ,

○ [Web of Science @ Yleisistä: 1395](#)

- Tambets, K. , Rootsi, S. , Kivisild, T. , Help, H. , Serk, P. , Loogvali, EL , Tolk, HV , Reidla, M. , Metspalu, E. , Pliss, L. , Balanovsky, O. ,Pshenichnov, A. , Balanovska, E. , Gubina, M. , Zhadanov, S. , Osipova, L. , Damba, L. , Voevoda, M. , Kutuev, I. , Bermisheva, M. ,Khusnutdinova, E. , Gusar V. , Grechanina, E. , Parik, J. , Pennarun, E. , Richard C. , Chaventre, A. , Moisan, JP , Baracin, L. , Pericic,

## Muuttoaallot Itämeren alueella, suomensukuisten kampakeramiikan alueen ja N – haploryhmän

leviäminen Itämeren ympäristössä- ollut samalla su- kielen alueita ja lopulta kielenvaihtuminen osassa Baltiaa ja Skandinaviaa - saa tässä vahvistusta

2007 tutkimus- Lappalainen, Laitinen et al. mm. siv. 14- 15

(tutkimusartikkelin geenitietoa N3 > N1c1 , lisäykset Seppo Liukko 9.2.2014)

sivut 24 /

24

M. , Rudan, P. , Terzic, R. , Mikerezi, I. , Krumin, A. , Baumanis, V. , Koziel, S. , Rickards, O. , De Stefano, GF , Anagnou, N. , Pappa,

KI , Michalodimitrakis, E. , Ferak, V. , Furedi, S. , Komel, R. , Beckman, L. , Villems, R. ( 2004 ) Länsi- ja Itä juuret saamelaisen-tarina

geneettisen "harha" kertonut mitokondrioiden DNA: n ja Y kromosomit . *Am. J. Hum. Genet.* **74** , 661 - 82, .

- [CrossRef](#) ,
- [PubMed](#) ,
- [CAS](#) ,
- [Web of Science @ Yleisistä: 61](#)
- Torroni, A. , Achilli, A. , Macaulay, V. , Richards, M. , liittyy yhteen, HJ ( 2006 ) Sadonkorjuu hedelmiä ihmisen mtDNA puu . *Trends Genet.* **22** , 339 - 45 .